

CTTGGTTTGA TTTTAGGCAA GGTAATGGTT AATAACCCAT TTTCAAACT AGCAGTAATA 1920
 TGTGCTTAT CAACAGCTTC AAAATCAAAT TGACGCATTA ATGATTCGAA GTTACGCTCA 1980
 5 TCTAAAATGA GTTGTTCAGA TTTGTATTTT GCGCTTCTAG TAGCTTGAAT AGTGAGCGWA 2040
 TTAttATTGA AATCgATACT AATAtCTccC TG 2072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 231:

20 CGTCTTCTCT TGGTTATTCT CTGTGTTTTG TCTTTGTTCA AATTCGATTT TTTGTTGTTC 60
 GAATGAATGT AATACTTTAT TTTTTTTTGG CACATAATCC AAGTnATTTT TAGGAATTAA 120
 TATACGGTCT TTAAATGCTT CTTGTATTTT GCTCACAATC AATTGGTATA GTTGCTCTTC 180
 25 TTTTGATAAA CGCACTTCTA GTTTTGTTGG ATGAACATTT ACGTCTACTA AGATTGGATC 240
 CATTTCAATA TTAATATAAC AAATCGGGAA CCTACCTATT GTTAAGAGTG TATGATAGCC 300
 TTCTAAAATC GCTTTATTTA GCATAAAGTT TTTAATGTAT CGTCCATTAA TAAAAATAGA 360
 30 AATATAGTGC TTATTACTTC TAGAATGTTT AGGCTTTGCA ACAAACCTT CAATGTGATA 420
 ATCACTTGTA TCTCCAGATA TATGTACTAA ATCTCGTGCA ACTTTCATCC CATAAATCTC 480
 TGCCATCACT TCATTAGTTC GTCCTGAACC ATTTGTACTT AACATTGTTT TGCCATCTGA 540
 35 AATGAGTGCT ATTCGAATGT CCGGATGGCT CATTGCCATT CTGTTGACAA TATCTGTTAT 600
 TTTACCTAGT TCAGTGTATA AACTTTTAAT ATATTTTAAA CGTGCTGGTG TATTATAAAA 660
 40 TAATGATTCT ACAAGTATAT CTGTTCTTTT TTTGCTTTT GCAGGCTTAT GATTTAATAT 720
 TTCACCATT TCTACATATA TTTCAATTCC ATTAGCATTA TCCGTGCAAG TCTTCAATGT 780
 TACTTTAGCA ACTGATGAAA TACTGGCTAG TGCTTCACCA CGGAATCCTA ATGTCCTAAT 840
 45 ATGAAATAAA TCTTCATCTT GATCTAATTT ACTAGTCGCA TGTCTATGAA ATACTAATCC 900
 TAAGTCTTCC GCTTCAATTC CGCTTCATT ATCGACTACG CGAATAGATT GGACGCCAGA 960
 tTCTCTACT TCAATGCTTA TTTCTGTAGC GCCTGCATCT ATAGCATTTT CCAACAGTTC 1020
 50 TTTACAACA GAACTCGGTC TTTCAACTAC TTCACCTGCT GCGATTTTAT TTGCTAATGA 1080
 GGTTTGGAGT TCTTTAATTT TCCCCATTTT GCAACACCTC TATTTTAATT GATTTTGTA 1140

	TTGTAGTTCA ATCTCGCTTT TTTGATCATT TTCAAACAAA TcAAATGATG CyTGTTCAAA	1260
	GTCTTTTTGA GATAAAGTAT CaGTTGTTTC TTCaACACTT aAGTTTAAAT TTTCTTGATT	1320
5	AATTTCCAGG TTCATTTTCG ACCATTTTTA AATTTGATAT CGATGATtTT TCACCAGCAG	1380
	ACGCTTCAAA CTCGCTTAGA ATCACTTGTG CTCTGCTAAT AACTTTTTCa GGTAAATCAG	1440
10	CTAATTTTCGC AACTTGAATA CCATAAtATC GTCAACTGCA CCATCTTTGA CTTTATGCAA	1500
	GAATATAAGT TCACCTTTAT ATTCATTAGC AGCGACGTGA ACATTTTTTA GACTTGGTAA	1560
	TGCTTGATCT AATGTTGTCA ATTCATGATA ATGTGTGTA AATAACGTTT TAGCATGTGA	1620
15	TGTTTCAGCT ACATACTCTA TCATTGCCTG CGCTAAAGCT AAACCGTCAT ACGTTGAAGT	1680
	ACCACGTCCA ATTTTCATCGA AAATAATCAA ACTATCCTCT GTTGCATAAG TTAATGCCTT	1740
	TTGTGCTTCT AGCATTTCCTA CCATAAACGT ACTCTTACCT GAAACCAAAT CATCTGCCGC	1800
20	ACCTATTCTA GTGAATATT GATCAAATAT AGGTAACACT GCCTCTTTAC AAGGGACATA	1860
	AGCTCCCAIT TGGGCCATTA TACTAATTAT GGCAACTTGT CTCATATATG TCGATTTACC	1920
	AGACATATTC GGACCTGTAA TTAAATATAT AAATGTTTCA TTATCTAATC GACAATTATT	1980
25	AGGCACATAG TCATTATAAT CCATTACTCT TTCCACTACT GGGTGCCTAG ATTCCACTAA	2040
	TTCTAATGTT TTATTTTCAC TAAATGAAGG CCTAGTGTA TTATATTTTT GAGCAATTC	2100
30	TGCAAAGCTC TGTAACAAT CTAGCTCTGA AATAATTTTA GCTTGTGTGTT GTAAACGTTT	2160
	AGTATATTTT TAACTTCTT CACGTAGCTG AACAAATAAT TGATATTCTA ATTCGATGGC	2220
	TTTGTCTTCC GCACCTAAAA TGATATCTTC TTTTCTTTA AGTTCATCAG TTATAAAACG	2280
35	TTCAGCATT CATAACGTTT GCTTCCTCAT ATAACCAAAT TCACTTGGTT CAAAATTTTG	2340
	CAAGTTGGCA CGTGTTATTT CTATAAAATA ACCAAACACT TTATTAAAGC TTATTTTCAA	2400
	TGATTTTATT CCTGTACGTT GTCTTTCTTT GGCTTGTAAT TCTGCTAACC ATGTTTTTCC	2460
40	GTTTTTTGAA GCTTCAAGAT ATTCATCTAA TTGCGTATTA AAACCAACTT TGAATAGTCC	2520
	GCCATCTTTA ACTGAAATTG GTGGTTCTTC TACTAAACTC TGTCTAATA TATCAAGTAA	2580
	ATCATCaAGG GGTTCTAGTT GATTAACCTG TACAAGAGTA TTCTGATTCA TAGAATTTAG	2640
45	TAATGCTTTA ATATTCGTA TTTcAGAAAT GGAATGTTTA AGTTGAATTA AATCTCTCGC	2700
	ATTAACATTT CCGTAACTAA CACGCCCAAC AAGACGTTCA ATATCATACA CTTGATTAAG	2760
50	ATATGTTCTT AAGGTGTCTC TTTCTATGAA ATGAGCACTA AATTCATCAA CGATATCTAA	2820
	TCGTGCTTCA ATTTGTTCTT TACTTATTAG TGGTCTATCT ATCCATTGTT TTAAGCGGCG	2880
55	TGCTCCCAIT GGTGTTTTCG TTTcGTCCAT TAGCCAAAGT AGCGTTCCTT TTTTGTATT	2940

ATCTATAGCT GCATATTGAA CAACATCCTC GATATGCGAT AAATCACGTT TTTGTGTATG 3060
 ATGAATATAA TCTAGCAATA ATTGTGTGCG TTGATACaTT AATTTATGTT CAGTTTGATT 3120
 5 CACACTATAG ATTtCTGATG ATAACGTTTC CCTGACTGT 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1238 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 232:

TAAGCGAGAA GCAATTGGTG TTATGTATGC TAGTGATAAA CCAACAGGTG AAAGTACAAG 60
 20 GTCATTTGCT GTTTATTTCT CTCCTGAAAT TAAGAAATTT ATTGCAGATA ATTTAGATAA 120
 ATAAATCATC CATCCATACA TTGATAAATG ATTTTyAGAA ATTAACAACA AAATCAACAA 180
 TTTTAAACAT CTCTGTGATT CTATTTATTC GAAATGATTT AAAAAATAAA ACTTCAAAAA 240
 25 CCTAACCTTA TATTTATACG AATACTTAGA GGAGCACAAA AATGAATAAA AATATAATCA 300
 TCAAAAGTAT TGCAGCATTG ACGATTTTAA CATCAGTGAC TGGCGTCGGC ACAACAGTGG 360
 TTGAGGGTAT TCAACAAACG GCTAAAGCTG AACATAATGT GAAACTAATC AAAAATACTA 420
 30 ATGTAGCACC ATACAATGGT GTCGTTTCGA TAGGATCTGG AACAGGTTTC ATTGTCGGTA 480
 AAAATACAAT TGTTACCAAC AAGCATGTCG TTGCAGGTAT GGAAATTGGT GCACATATTA 540
 TAGCGCATCC CAATGGTGAA TATAATAATG GCGGATTTTA TAAAGTTAAA AAAATTGTCC 600
 35 GTTATTCAGG TCAAGAAGAT ATTGCCATTC TACATGTGGA AGATAAAGCT GTTCATCCAA 660
 AAAACAGGAA TTTTAAAGAT TACACAGGCA TTTTAAAAAT AGCATCAGAA GCTAAAGAAA 720
 40 ATGAACGCAT TTCAATTGTT GGCTATCCAG AACCATATAT AAATAAATTT CAAATGTATG 780
 AGTCAACAGG AAAAGTGCTG TCAGTTAAAG GCAACATGAT TATTACTGAT GCTTTCGTAG 840
 AACCAGGCAA CTCAGGTTCA GCTGTATTTA ACAGTAAATA CGAaGTtGTA GGTGTTCACT 900
 45 TTGGTGGA AAA CGGCCCTGGA AATAAAAGTA CAAAAGGATA TGGTGTTTAT TTCTCTCCTG 960
 AAATTAAGAA ATTCATTGCA GATAACACAG ATAAATAAAT CCTTACATAG ATAAATGATT 1020
 TTA AAAATTA ACAACAAACT CAACaATTCA AATCATCTCT GTGATTCCAT TTATTCGAAA 1080
 50 TGATTA AAAA AAATAAAACT TCAAAAAGCT AACATTATAA TTATACAAAT ACTTAGAGGA 1140
 GCAGAAAAAT GaATAAAAAAT ATAATCATCA AAAGTATTGC AGCATTGGAC GATTTTTTAAC 1200

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 233:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6444 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 233:

	TGATAAGTCA TTTAAATTGT CACCTATTGA CATGACTTCT TTCATTTCAA TCCCTAATCT	60
15	TTCGGCAATT GTTCTAGCG CAATACCTTT TTGTGCATCT GAATGCGTTA TTTCTATATT	120
	TCCTCTCGAA GATGATGATA TAGCTAAATT CGGAGAKTCA GCTAAAATTT TACTAGCTTT	180
	GTCAATTTTT TCTAAATTTT CATCAAATGC TAATATTTTC ATAATTAATT CACCAGGTAT	240
20	GTTTTCAATA GCATCATAAT TATCAACAAC TyTCAACGTA CCATTATCTA TCGTCTTTG	300
	AATACCATTT TTAATACGCT CAACGTTTGC ATGTTGACCT GCACGCTCAG CAATATCTAT	360
	GTAAATGTCT AAATCTCTTT GTGGATCTTC AGTATAAATC GCACGACTCG TGTATACTTG	420
25	ATAATAAATA CCTGCATCTT TAAAAACATT TGTAATTTTG TGTACTAACG ATTTATTAAG	480
	GTGTGAAGTG CTCATTACAT TGAAAGTTTC ATCACGTA CTAGCACCAT TCAAACAAAT	540
30	ATATGGTACT GTTAAATCTG TGTCAGCAAC TGGTGCTTGK GCTTCATAAA ATGCTCGACC	600
	TGTCGCGATA ACAACCGTTA TCCCTTGTTT TTGAGCGTAT TTAATCGCAT CAATATTAGG	660
	TTGAGAAATT TCATGTGCTG CATTAAGTAG CGTGCCATCC ATATCAGTGG CTATTAGTTT	720
35	TATCATTATG ThACCTCGTT TCGTAAAThT AAAATCTTGT TCTTAAATAA GrATATATAC	780
	TCAGCGCACA TACTTTtCTA TTAmCATTTA TATkGTCATT aATTTATCAT ATAATGTAAT	840
	TCTaACAAAT nTTAAAtTAGT ATGTACTATC GTCTAATTGG TGGATTTCTT ATTGGCTCTT	900
40	AAgTTTTTAA AAAATGTTGT TAATAATGTG CTACATGCTT CTTTAAGTAC ACCTTTATCA	960
	ACAATTGCAC GATGATTAAA ATTAGATTGT TGCAATAAAT TCATTAAACT GCcACTACAA	1020
	CCACCTTTAG GATCATCTGC GCCATAGACG ACTCTTGGA TGCGACTCAT TACAATTGTT	1080
45	CCTGCGCACA TGACACATGG TTCTAAGGTT ACATATAATG TGCAACCTTC TAAACGCCAA	1140
	CTACCTAACA CTTTGCTGC ACGTTCAATT GCAATATGTT CAGCATGCGC CGTTGGTTGT	1200
50	TGTAGTGT TTCTTaAATT ATGTGCTCTA GCGATAACTT CATCATCTTT AGTGATGATA	1260
	GCACCTATAG GACTTCGCC TAGTTGAGCT GCTTTTTTAG CTTCTTCAAT CGCTAATGTC	1320
	ATAAAATATA TATCATTTGT CATTTATGTC CAGATACCTC ACTTATGTA CAATACTCAA	1380

	CTATTGGCGT AGGTAAATCT TCACTTGCAC ACAAATTAAG TCAAACCTTA GATTTTTATG	1500
	AAGAAAAAGA AATCATCACA GAAAATCCAT TTTTATCAGA CTTTTATGAA GATATCTCTA	1560
5	AATGGAGTTT TCAAAC TGAA ATGTTCTTTT TATGCAATAG ATATAAGCAA TTTCAAGATG	1620
	TAACACAACCT AAATCAAGGT GTAGTTAGTG ATTATCATAT ACATAAAAAAT AAGATATTTG	1680
	CTAAAAATAC TTTGAGTTCT GTTGAATTTT AGAAATTCAG TAAAAITTTAT GATATTTTAA	1740
10	CTGAAGATAT GATTATGCCG AATATGATTA TCTTTTTAGA TGCAGACCTT GATGTGTTAA	1800
	AATCTAGAAT TGCTAAACGT AACCGTAGTT TTGAGCATCA AATAGAAgtG AtActGTaAg	1860
	TTAAAAAAG ATTATCGTGA GTATTATGAG TCCTTACAAA GTAATGGTTC AAATGTAGTT	1920
15	TTAATCGATA CnACTTCTAT TGATTTTCTT AAAAATGAAC AAGATTACGA AGATATATTA	1980
	CATATTATAT TACCTATGAT AGGAGATATT ACCAATGAAT AATTACGGTA TTCCACAAAA	2040
20	TGCCATTATA ACCATTGCAG GTACAGTTGG TGTTGGAAAA TCAACACTAA sGCAAGCACT	2100
	TGCAGATAAA TTAACCTTTA AAACGTCTTT TGAAAATGTC GAACATAATC CATATTTAGA	2160
	TAAATTTTAC AGCGATTTTG AACGATGGAG TTTCCATTG CAAATTTACT TCTTAGCTGA	2220
25	ACGTTTTTAA GAACAAAAGC GTATGTTTGA ATATGGTGGT GGCTTTGTCC AAGATCGATC	2280
	AATTTATGAA GATGTTGATA TTTTTCGAAA AATGCATGAA GAAGAAGGCA CAATGAGTAA	2340
	AGAAGATTTT AAAACATATT CAGACTTATT TAATGCCATG GTCATGACAC CTTATTTTCC	2400
30	TAAACCTGAT GTAATGATTT ATTTAgAATG TAACTATGAT GAGGTCATTG ATCGTATTAT	2460
	TGAACGTGGT CGCGAAATGG AAATTAATAC AGACCCTGAA TACTGGAAAA AGCTATTTAA	2520
35	ACGCTATGAC GATTGGATTA ATAGCTTTAA TGCATGTCCA GTTGACGTA TCAATATTAA	2580
	TGAATATGAT ATCCATAAGG ACCCCGAATC TTTAAATCCT ATGATAAACA AAATTGCTCG	2640
	AATTATTCAA ACATATCGAC AAGTAGATAC ACGATAAAAG ACTAAAGACA TAGCGTATAT	2700
40	GTTTATATT C AATGTATATT CCATAGATAT TATCGATTAT TTTATCAATT CTATCGAATA	2760
	CATTAATTCA CATATACACT ATGTCTTTCT TTTTAATTTA AAGCTTCTAA AATATCTGCC	2820
	GCACTATTTA AAATAATATC AGCTTCATGT AATTCTTCTT TTGTTGCAAT ACCTGTTAAT	2880
45	ACACCTATTG CCATACCTAA ATTTGCATTA CTTGCTGTCT TCATATCATT AGCAGTGTCT	2940
	CCTACTATAG CTACTTTCTG AGGATCTACA TTATATTGCT CAAATAAAGG CGATAATACT	3000
	TTAGGATTTG GCTTCTCATA GGCATCCGCT TCGGTAGAAA TGATCAAATC GAACAACGAG	3060
50	GTAGCATTGG TATGTGCTAA AAATTGTTCT ACACCTTTTT TAGTATCACT CGTAACAATA	3120
	CCAAGTTGAT AGCCTTTTGC TTTCAAATCG ATAAGTGCTT CTTTAACACC TTCTACCCAA	3180

55

EP 0 786 519 A2

5 GTATCTTGTC CCGTCACATC ATTAAATGCC TGGATAATTT GTTGTAAGA TCCTGAACCC 3300
 ATCACTGATT TTGGATCAAT AGATTCTTTA ATGACACCGA GTTGTCTTAA AGCAGCTTCT 3360
 10 TTATTATGTA CTGGGAAAGT CTCAAGCAAT GATTGTACAA ATCGTACCCC TATTTTTTCC 3420
 CAACTTCTAT CAAATTCAAT TAACGTACCA TCTTTATCAA ATAATATCCA TTCCATTGaT 3480
 ATCAATACTC CTATTTATTT ATTTCTGATT ATGCTGATTC TATGATATTC GTTATCCCCT 3540
 GAAAATGAAC TCGTAGTATT GTTCTATTTA AATATTGaAT TAAATATAAT AATAAGTGAA 3600
 ATCCCCCTCA ATACTTAACA ATAAACATTG TAACTTAAAT TTATTACCAT GCTTCGCTTC 3660
 15 ATTGAAAGGG ATTTTAGTCA TGATTAACCT TTGCATATTG TTTTCATGAT TATATTCAAT 3720
 TTTTATTAAT ATTTTGGTAC AACGACTCTC CAACCATTTT TATCTTCTAA AGTACCATTT 3780
 TGAATACCAG TATAGACGTC GTATAATTTT TGAGTAATTT CACCAGTCTC ATTATTATTA 3840
 20 ATAACGATTT CACGATCTTC GTATCTCAAT GTACCCACAG GTGAAATAAC TGCTGCAGTA 3900
 CCACTACCAA ATACTTCTGT TAACTCACCT TTATCATATG ATTCGAATAA TTCATCGATT 3960
 GAAACGCGGC GCTCTTCGAC TTCATATCCT AAGTTTTTAG CTAATTCGAT AATAGATTTA 4020
 25 CGTGTAATAC CAGGTAAAT ACTGCCATTC AACTCTGGTG TAATTACTTT GCCATTTTCA 4080
 ACGAAGAAAA TGTTTCATGCT ACCAACTTCT TCGATATATT TCTGTTCAAC ACCATCAAGC 4140
 CATAATACTT GGTCATAACC TAATTTATTT GCATTAGTTT GTGCTAATAA ACTTGcCGCA 4200
 30 TAGTTACCTG CAACCTTTTG AAAGCCTACA CCGCCACGaA CAGCACGCAC ATATTcATCT 4260
 TCTACATAGA TTTTAGTTGG TTTTAAAGTT TCACCACCAT AATATGCACC TGAAGGAGAT 4320
 35 AAAATAATTA ATAATTTATA CTGATGTGAT GCACCAACGC CAAGTGCCCC TTCTGTTGCA 4380
 AAAACAAATG GACGAATATA TAATGATTGA CCTTCCCCTT CAGGAATCCA ATCTCTTTCA 4440
 ATATCAACTA ATTGTTTTAG CCCCTCTAAC AATTCTGCTT CGTCTACTTG AGGCATTTCT 4500
 40 AATCGTGCTA ACGAGTTATT AAGACGCTTA AAATTTTCTT CAGGACGGAA AAGTGCAACT 4560
 TCCCCATCTC TTTTATATGC TTTTAATCCT TCGAATACCG ATTGACCATA ATGAACACCT 4620
 TGTGCAGCAG GTGAAATTC AATAGGACCA TAAGGTACTA TCTTCAAATC ATGCCATCCT 4680
 45 TTATCTGCAT CATAATCATA ACTCAACATA TAATCAGTAA AATATTTACC AAAACCTAGT 4740
 TGAGATGTAT TTGGTTTTTG TTTTAATGTT TCTCGTCGTT CAACTTTAAC TGCTTGTGAC 4800
 ATGGTGATTG CCTCCTAATA ATATTGTATA AGAATTTGTT TAACTTAAAT TATAACAATC 4860
 50 CaTATTTTGC TGTTCAACAA ATTTTCTAAA AATTCAAAAT TAATTAACAG ATTTCTAGAA 4920
 AGACTATATC TTTTAGTATA AACGTATTAA TTTCACAGAG ACAAGTAATC TGTGTTTTAC 4980

55

TAAGTATAAT GAATAATATT AGAATTCATG CACTAGTTTA TAAAAATAAA GAGTAATTTA 5100
 AAATATCATT CCGTGTATTA AAGTGAATGG AAATGATTAG TTATTATTTT TAACAGTATC 5160
 5 TTTTGTTC A ATAGCTTCTA ACATTAATTT AGTCATGCTC GCTAAATCAT ATTTAGGATC 5220
 AAATCCCCAT TCGCCACGTG AACAGCTTGT ATCAATAGAA TCCGGCCAAC TATTAGCGAT 5280
 ACCTTGTCTA ATAGGATCAA CATCGTAATC TAATGTAAAA TTGGGATAGT ATTCTTGAAT 5340
 10 TGCTTCTTTT ACCATCTCTG GATCAAACT CATTGCGCTC AAATTATAAC CATTCTAGT 5400
 TTCTAATTTA GCGTCGTCTG CTTCCATAAG TTTAATAATT GCTTCAATTG CATCATCCAT 5460
 ATACATCATA TCCATATACG TGCCTTTATC TATGAAGCTT GTATAATGAC CCTCTCTTAC 5520
 15 TGCTTTGAAG TATATTTCAA CAGCATAGTC TGTAGTACCG CCACCTGGCT CTTTAACATG 5580
 CGAGATTAAA CCTGGGAATC TAACACTTCT TGTATCTACA CAAAACGTT TGAAATAGTA 5640
 20 TTGACACAAT AATTCTCCAG CTACTTTATT TACACCATAC ATTGTCGTAG GTTGCTGAAT 5700
 CGTTACTTGT GCGGTATTAA CTTTAGGAGT TGAGTCTCCA AATGCACCAA TTGAACTTGG 5760
 TGTGAAAAAG TGCAAATTAT AAGTTCTTGC AGCTTCTAAT GCATTCATTA ATCCACCCAT 5820
 25 ATTTAAATCC CAAGCTAGAA TTGGATTTT CTCAGCAGTT GCTGATAATA ATGCTGCCAT 5880
 ATGCATTAGA CTATCCGCTT CAAAGTCCCT AACTAACTCA AACATACGGT CACGATCTGT 5940
 TACGTCTAAG ATTTCAAATG GTCCATTTTG TACAGGTGAG TCTGCTTCAG GTTCCCTAAT 6000
 30 ATCTGTAGCA AGAACATTAT CTGTCCCATA AATTTCTCTG CACTTAACAA CTAATTCTGT 6060
 ACCAATTTGT CCTAATGCAC CAGTAATCAT AATTTTTTTC ATAGAAATAT CTCCTTTGtC 6120
 TCTTCTATAT AGCTATAGTC CATCACAAGC GGaCATAATA TTCATTTTCA TAATAATTAT 6180
 35 AATATAAAAG CGCTTTCTTG TATATATGAC ATGTACATGT TGCTGATATk TCTGTAAATG 6240
 GAAATTCTAG TTGTATTAAT TGATTTTAGT AATTTATAGC GTTTATTATT GCTAATTACT 6300
 40 GtCAAATTAA ATTTTTTATC CCTCAACTCT TAAACTCTGG ATATCTTTCA TTATATTAGC 6360
 TTTTATATAA CCATGGATAT CATGTAAAGC CTTATAAGCn TTAAATAATG TTTCATACCT 6420
 TTGTACTTnT TCCGCTTCTG GATT 6444

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 234:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4721 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

	GCCCATGAGA CAATTTTACT TGCTTTTCCC ATTGGTTATC ACGTTCCTTAT TACATAGATT	60
	TAAACCGAGA AATATTATTC AAACGCTATT TATTGTATCG TTGATTTCTT TAGGACTTAT	120
5	GATAGTGATT CATTTTCATCA CTGGAGATAA TTCACGTGTG TATTTTGGGA CAGATACACG	180
	ACTGCAAACT TTATTGCTTG GTTGATATATT AGCATTITATT TGGCCTCCGT TTGCTTTGAA	240
	AAAAGATATT TCTAAAAAGA TTGTCGTATC ATTAGATATT ATAGGGATAT CTGGTTTTCG	300
10	GGTTCTAATG ACTTTGTTCT TTATAGTTGG AGACCAAGAT CAATGGATCT ATAATGGAGG	360
	ATTTTACATT ATATCATTTG CAACTTTTATT CATTATTGCA ATTGCGGTAC ATCCTTCTAG	420
15	TTTATTTGCT AAATTTTAA GTATGAAACC TTTACTAATT ATAGGTAAAC GATCATATAG	480
	CTTATACTTA TGGCATTATC CTATCATTGT TTTTGTGAAC AGTTATTACG TACAAGGACA	540
	AATACCGGTA TACGTTTATA TTATAGAAAT TTTGTTAACA GCGTTAATGG CTGAAATTTT	600
20	GTATCGCTTT ATTGAAACAC CTATACGTAA AAAAGGATTT AAAGCTTTTG CATTTTACC	660
	TAAAAAGAAG GGGCAATTTG CTAGAACAGT GTTAGTTATC CTATTATTGG TTCCGTCTAT	720
	CGTTGTGCTC AGTGGACAGT TTGATGCACT TGGCAAACAA CATGAAGCCG AGAAGAAAGA	780
25	GAAGAAGACG GAATTTAAAA CAACGAAGAA AAAAGTCGTT AAAAAAGATA AGCAAGAGGA	840
	TAAGCAGACA GCGAATAGCA AAGAGGATAT TAAAAAGTCA TCACCACTAT TAATTGGTGA	900
	CTCGGTCATG GTGGATATTG GTAATGTCTT TACTAAGAAA ATACCAAATG CACAAATTGA	960
30	TGGTAAAGTT GGACGGCAAC TCGTTGATGC TACACCAATT GTGAAATCGC AATATAAAGA	1020
	CTATGCTAAA AAAGGTCAAA AAGTTGTAGT AGAGCTTGGT ACAAATGGGG CATTTACGAA	1080
35	AGATCAATTA AATGAACTAT TGGATAGTTT TGGAAAAGCA GACATATATT TAGTTTCTAT	1140
	TAGAGTACCT AGAGATTATG AAGGTAGAAT AAATAAATTA ATTTATGAGG CAGCTGAAAA	1200
	GCGCTCTAAT GTACATCTAG TCGATTGGTA TAAAGCTTCT GCAGGTCATC CGGAATACTT	1260
40	TGCATATGAC GGTATTCCTT TAGAATATGC AGGTAGTAAA GCGCTGACTG ATTTGATTGT	1320
	AAAAACGATG GAAACACATG CTACAAATAA GAAATAATT TATGCACTAA ACTTTTGAAA	1380
	TATTACATTA CTTCTGATAT TTATTATCAA AAATGATGTA TTTCAITAAA AGTTTAGTGC	1440
45	TTTTTTATTT TCAAATCCCA TAGTAACGGT GCAGAAAAAG TGTTGTAAAC ATTCTAATTG	1500
	GTATATTACA TTCAATGAAG CTTTATTAGG AACAGATTAC ATTATGATAA CAAAGCCCGC	1560
	AAGACACCTA ATCTCTGTTA TAGTTTGTTC TGTCGCAAAA CTATAAAAGT TATAATTGTT	1620
50	TGCATACTAA AAAAAATAAA AATATAAAAT TTAATAAAT TGAGTCGCTA ATGACTATAT	1680
	GTATAGAGTG TTTTGATTAT TGGGAGGATA TTTAATTATG AAAAAAATCG TTACAGCTAC	1740

55

EP 0 786 519 A2

	ACAAAATAAC AATGGATATA ATTCTAATGA CGCTCAATCA TACAGCTATA CGTATACAAT	1860
	TGATGCACAA GGTAATTATC ATTACACTTG GACAGGAAAT TGGAATCCAA GTCAATTAAC	1920
5	GCAAAACAAC ACATACTACT ACAACAATA CAATACTTAT AGTTATAACA ATGCATCTTA	1980
	CAATAACTAC TATAATCATT CATATCAATA CAATAACTAT ACAAACAATA GTCAAACAGC	2040
	AACAAATAAC TATTATACTG GTGGTTCAGG TGCAAGTTAT AGCACAACAA GTAATAATGT	2100
10	TCATGTGACT ACAACTGCAG CGCCATCTTC AAATGGTCGT TCAATTTCTA ATGGTTATGC	2160
	ATCAGGAAGT AACTTATATA CTTCAGGACA ATGTACTTAT TATGTATTTG ATCGTGTGG	2220
	TGGGAAAATT GGTTC AACAT GGGGTAACGC AAGTAATTGG GctAACGCAG CTGCATCATC	2280
15	TGGCTATACA GTGAACAATA CACCAAAAGT TGGTGCTATC ATGCAAACAA CACAAGGCTA	2340
	TTACGGTCAT GTTGCTTACG TTGAAGGCGT TAACAGCAAC GGTTCCTGTTT GTGTTTCAGA	2400
20	AATGAAGTAT GGACATGGTG CTGGTGTGGT TACGTCTCGT ACAATTTTCAG CAAACCAAGC	2460
	AGGTTTCATAT AATTTTCATTC ATTAATCAAA TGTAATCAA ATGACGTCAA TATTCTCTAA	2520
	CATGAGAGTA TTGGCGTTTT TGTTTTATAT AAATATAAAT GAGAGCGGTT TATTCATGTA	2580
25	TCTTTAGGGA ACTAAGTAAT AAAGTGATAA TTTATACTAT GTCAGTATGA TTGAGAGTGA	2640
	TTCAATTTAG ATGAAAACCA TGAAAAAATA TATTAACAACA GCATTTTTTTT GTAGTATGTA	2700
	TTGGTTAATT GTTCAACTAA ATATAGCAAA TTTAGGTACA AGAATTCCTG ATAAGTATTT	2760
30	TCGTCAGAAG TACATAATAT TTAAATCATT TAACTTTGAG AAGCATGGAA AATTTTGGAA	2820
	CAAATGGTTT TACGTAAGAA AATGGAAACA TAAGATTTTA GATGGTCATC AGCTTAATCA	2880
	AAATATATAT GATCAGCGTC ATTTAATGAC AATCAATACT GATGAAATTG AAAAAATGAT	2940
35	TATAGAGACA AAGAGGGCAG AGTTGATTCA TTGGATATCG ATACTTCCAG TCATCATATT	3000
	CAATAAAGGC CCTCGTTTAG TAAAGTATAT AAATATTTTC TATGCAATGA TAGCTAATGT	3060
40	TCCAATCATT ATTGTGCAAC GCTATAATCG ACCGAGATTA ACGCAGTTAC TACGCATATT	3120
	AAAACGAAGA GGTGAACGTC ATGACTAAAC ATATCATCGT TATTGGTGGT GGCTTAGGTG	3180
	GGATTTCTGC AGCAATTCGA ATGGCAGAAA GTGGCTATTC GGTCTCATT TATGAACAAA	3240
45	ATAATCATAT AGGAGGCAAA GTGAATCGTC ATGAATCAGA TGGCTTTGGC TTTGATTTAG	3300
	GTCCATCTAT TTTAACGATG CCTTATATTT TTGAAAAATT ATTCGAATAT AGCAAGAAGC	3360
	AAATGTCAGA CTACGTTACA ATCAAGCGAT TGCCACATCA ATGGCGTAgC TTTTTTCCAG	3420
50	ATGGAACGAC TATCGATTTG TATGAAGGTA TTAAAGAAAC AGGTCAGCAT AATGCGATAT	3480
	TGTCGAAACA GGATATAGAG GAACTGCAAA ATTATTTGAA TTATACAAGA CGAATCGATC	3540

55

TTCATGGGCC ATTAAATGCT CTTATTAATT ATGATTATGT ACATACTATG CAACAGGCCA 3660
 TAGACAAGCG TATCTCGAAT CCATACTTGC GACAAATGTT AGGCTATTTT ATCAAATATG 3720
 5 TAGGTTCTTC ATCATACGAT GCGCCAgCTG TATTATCTAT GTTATTCCAT ATGCAACAAG 3780
 AGCAAGGCCT TTGGTATGTA GAAGGTGGAA TCCATCATT AGCCAATGCC TTGGAAAAGc 3840
 tAGCGCGTGA AGAAGGTGTC ACAATTCATA CAGGTGCACG TGTGGACAAT ATTAAAAACAT 3900
 10 ATCAAAGACG TGTGACGGGT GTCAGATTAG ATACAGGTGA GTTTGTAAAG GCAGATTATA 3960
 TTATTTCAAA TATGGAAGTC ATACCTACTT ATAAATATTT AATTCACCTT GATACTCAAC 4020
 GATTAAACAA ATTAGAGAGG GAATTTGAGC CGGCAAGCTC AGGATATGTG ATGCATTTAG 4080
 15 GTGTTGCTTG CCAATACCCG CAATTAGCAC ATCATAATTT CTTTTTTACG GAAAATGCTT 4140
 ATCTCAATTA TcAACAGTT TTTcATGAAA AGGTATTGCC AGATGATCCG ACCATTtATC 4200
 20 TAGTAAATAC GAATAAACT GATCACACAC AAGCGCCAGT AGGTTATGAA AATATCAAAG 4260
 TCTTACCACA TATTCCATAT ATTCAAGATC AGCCTTTTAC CACTGAAGAT TATGCGAAGT 4320
 TTAGGGATAA AATTTTGGAT AAATTAGAAA AAATGGGACT TACTGATTTA AGAAAAACA 4380
 25 TTATTTATGA AGATGTTTGG ACACCGGAGg ATATTGAAAA AAATTATCGT TCTAATCGTG 4440
 GTGCAATATA TGGTGTGTA GCAGATAAAA AGAAAAACAA AGGATTtAAA TTTcCTAAAG 4500
 AAAGTCAGTA TTTTGAAAAC TTGTACTTTG TAGGTGGATC AGTAAATCCT GGTGGTGGCA 4560
 30 TGCCAATGGT TACATTAAGT GGGCAACAAG TCGCAGcAAG ATAAACGCGC GAGAAGCGAA 4620
 GAATAGGAAG TGATATCTAT GAAATGGTTA TCACGAATAT TAACAGTAAT AGTGACCATG 4680
 TCTATGGCGT GTGGTGCaTT GATATTTaAT CgTAGACATC A 4721
 35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 235:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3516 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 235:

45 TATTCGTGCG CAATGGGCTA AATTAGGTCT AGGTTTAGAT TATAGTAGAG AACGTTTTAC 60
 TTTAGATGAA GGTtTAAGTA AAGCAGTTAA AAAAGTTTTT GTTGATTtAT ACAATAAAGG 120
 50 AATtATTTAT CGTGGCGAAC GTATTATAAA TtGGGATCCn AAAGCACGTA CAGCTTTATC 180
 TGaTATTGAA GTAATACATG AAGATGTTCA AGGTGCGTTT TATCATTTTA AATATCCTTA 240

55

EP 0 786 519 A2

TACAGCGATT GTTGTTAACC CTAATGACGA ACGATACAAA GATGTAATCG GTAAAACTGT 360
 TATATTACCA ATCGTAGGAC GCGAACTGCC TATTTTAGCA GATGAGTATG TTGATATAGA 420
 5 CTTGCGTTCT GGTGCTATGA AAGTGACACC AGCACATGAC CCTAATGATT TTGAAATTGG 480
 TCAAAGACAT CAATTAGAAA ATATTATCGT TATGGATGAA AATGGTAAAA TGAACGACAA 540
 AGCGGGTAAA TATGAAGGTA TGGACCGTTT TGATTGTCGT AAACAGCTAG TTAAAGATTT 600
 10 AAAAGAACAA GATTTAGTTA TCAAGATTGA AGATCATGTT CATTCTGTAG GTCATTCAGA 660
 ACGATCTGGC GCTGTTGTTG AACCATATTT ATCAACACAA TGGTTTGTGC GCATGGAAGA 720
 CTTAGCGAAA CGTTCATTAG ATAACCAAAA AACAGATGAT CGTATTGATT TTTATCCGCA 780
 15 ACGTTTCGAA CATACATTTA ACCAATGGAT GGAAAATATT AGAGATTGGA CGATTTCAAG 840
 ACAATTATGG TGGGGTCATC AAATTCCGGC TTGGTATCAT AAAGAAACAG GCGAAATATA 900
 TGTTGGAGAA GAAGCGCCAA CTGATATTGA AAATTGGCAA CAAGATGAAG ATGTATTAGA 960
 20 TACGTGGTTC TCaAGTGCTT TATGGCCTTT CTCyACGTTA GGTGGCCTG ATTTAGAAAG 1020
 TGAAGACTTT AAACGATACT ACCCAACAAA TGCCTTAGTT ACAGGTTACG ATATTATCTT 1080
 TTTCTGGGTA GCACGCATGA TATTCCAAGG CTTAGAATTT ACAGATCGTC GTCCATTTAA 1140
 TGATGTATTA TTACACGGTT TAGTTCGTGC TGAAGACGGG CGTAAGATGA GTAAATCATT 1200
 AGGTAATGGT GTGGATCCAA TGGATGTTAT TGACGAATAC GGTGCTGATA GCTTGCGTTA 1260
 30 CTTCTTAGCA ACAGGTTTCAT CTCCAGGACA TGATTTAAGA TACTCAACTG AAAAAGTTGA 1320
 GTCAGTGTGG AACTTTATCA ATAAAATCTG GAATGGGGCA CGTTTCAGTT TAATGAATAT 1380
 CGGTGAAGAC TTAAAGTTG AAGATATCGA TTAAAGTGGT AACTTATCAT TAGCAGATAA 1440
 35 ATGGATTCTA ACACGTTTAA ATGAAACGAT TGCAACAGTT ACTGATTTAA GTGACAAATA 1500
 TGAATTCGGC GAAGTTGGAC GTGCATTATA TAATTTTATT TGGGATGATT TCTGTGATTG 1560
 GTACATTGAA ATGAGTAAAA TTCCAATGAA TAGTAATGAT GAAGAACAAA AACAAGTTAC 1620
 40 ACGTTCAGTA TTGAGTTATA CTTTAGACAA TATTATGAGA ATGCTACATC CATTATGCC 1680
 ATTTGTAACA GAGAAAATAT GGCAAAGTTT ACCACATGAA GGTGACACAA TTGTTAAAGC 1740
 TTCATGGCCA GAAGTGCGTG AATCATTGAT TTTTGAAGAA AGTAAACAAA CAATGCAACA 1800
 ACTTGTTGAA ATCATTAAAT CTGTAAGACA ATCACGTGTA GAAGTAAATA CGCCATTGTC 1860
 TAAAGAAATA CCTATTTTAA TTCAAGCTAA AGATAAAGAA ATTGAAACAA CTTTATCACA 1920
 50 AAACAAAGAT TATTTAATCA AATTCTGTAA TCCTAGTACC TTAAATATTA gCtGACGTGG 1980
 AAAwTCCTGA GAAAGCAATG ACaTCAGTTG TAATTGCAGG TAAAGTGGTA TTACCATTAG 2040

55

AAAGCGAATT AGATAGAGTA GATAAAAAGC TCTCTAATGA AACTTTTGTA AGTAAAGCAC 2160
 CTGAAAAGGT TATAAATGAA GAAAAACGTA AAAACAAGA TTATCAAGAA AAATATGATG 2220
 5 GTGTGAAGGC AAGAATTGAA CAATTTAAAG CATAGGAGTT AGTAACAATG AATTACCTAG 2280
 AGAGCTTGTA TTGGATACAC GAAAGAACTA AATTTGGCAT CAAACCAGGT GTTAAACGTA 2340
 10 TGGAATGGAT GCTAGCACAA TTTAATAATC CTCAAATAA CATTAAAGGT ATTCATGTAG 2400
 GTGGCACAAA TGGTAAAGGC TCTACAGTTG CTTACCTTAG AACAGCTTTA GTTGAAAATG 2460
 GTTATGAAGT AGGTACATTT ACGTCGCCGT TTATTGAAAC ATTTAATGAA CGAATTAGTC 2520
 15 TAAATGGTGT GCCAATATCA AATGACGCTA TTGTAGAATT AGTATCACGT ATTAAACCAG 2580
 TAAGTGAAAT GATGGAACGT GAAACAGATT TAGGTGTTGC AACTGAATTC GAAATAATCA 2640
 CAGCGATGAT GTTTTTATAT TTTGGTGAAA TACATCCTGT TGATTTTGTC ATTGTTGAGG 2700
 20 CTGGATTGGG TATAAAGAAC GATTCGACAA ATGTCTTTAC ACCGGTTTTA TCAATCTTAA 2760
 CTAGTATCGG TCTAGACCAT ACAGATATTT TAGGTGGTAC TTATCTAGAT ATTGCTAGGG 2820
 ATAAAGGCGC GATTATAAAG CCTAACGTTT CAGTGATATA TGCTGTAAA AATGAAGATG 2880
 25 CATTAAAATA TGTTTCGTGAA CGCGCAATTG AACACATGC AAAGCCAATT GAATTAGATA 2940
 GAGAAATTGT TGTTGTATCG CAAAATGATG AATTTACTTA CCGTTATAAA GATTATGAAT 3000
 TAGAAACAAT CATTTTAAAG ATGTTAGGTG AACATCAGAA ACAAATGCT GCATTAGCCA 3060
 30 TAACAGCTCT TATTGAATTA AATGAACAAG GATTAATTGA ATTAGATTTC AATAAGATGA 3120
 TAGACGGTAT TGAATCAGTT CGTTGGACTG GACGTATTGA GCAGGTGCAT GACAAACCTT 3180
 TAATCATTTT GGATGGCGCA CATAATTCAG AGAGTATAGA TGCTCTAATT GATACAATTA 3240
 35 AACAGTACCA TGATAAAGAA AAAGTAGATA TTTTGTCTC AGCAATAAAC GGAAAACCGA 3300
 TTAACGAGAT GGTCAAACAT TTAAGTTTAA TTGCGCATAC GTTTTATGCA ACTGAATTTG 3360
 40 ATTTTCCGAA AGCGTTACGC AAAGAAGAAA TTGTAGGTAG TATTGAAAAT GATGAAATAC 3420
 AATTAGTAGA TGAATACGTT GAATTTATAA AAAATTATCA AGGTGATACA TTAGTAATTA 3480
 CCGGTAGTCT GTATTTTATA AGTGAAGTTA AATCAA 3516

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 236:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 7481 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

55

	TGAGTGATAG AATCAAAAAA GCCATCTCAA AAATTAATCA AGCAAACAAC ATTCCAAACA	60
	ATG _s TCGCAA ATCACCAATG TATCACTCTC CAATTACGTA ACTATGATTT AATTTAAGCA	120
5	TAGTTATTGA GGT _{TTTT} GTGA TATATAGTAT AAAATTAATG AGAATTAAAT TTAATAATGT	180
	AAAATTCAT _m TTC _g GGGTCG GGTGTAATTC CCAACCGGCA GTAAATAAAG CCTGCGACCT	240
10	GCTAGTATGT ATCATATTAG TGGCTGATCT AGTGAGATTC TAGAGCCGAC AGTATAGTCT	300
	GGATGGGAGA AGATGGAGGT TTTTGTGTGT GCAATAATCC TCCTATTCTT ACGAGATGAA	360
	TGGAAGGAGA AAATTGAATA TGCAACAAAA TAAACGTCTT ATCACAATAA GTATGTTGAG	420
15	CGCGATTGCG TTTGTGTAA CTTTTATCAA GTTTCCTATA CCATTTTTGC CACCATACTT	480
	AAC _{TTTT} AGAT TTTAGTGATG TACCGTCACT ACTAGCTACA TTTACGTTTG GACCAGTTGC	540
	CGGTATCGTA GTTGCACTGG TTAAAAATTT ATTGAACTAC TTATTTAGTA TGGGCGATCC	600
20	AGTTGGACCA TTTGCTAACT TTTTAGCAGG CGCAAGTTTC TTATTAAGTG CTTACGCCAT	660
	CTATAAAAAAT AAACGTTCa CAAAATCTTT GATTACTGGA TTAATCATTG CAACAATCGT	720
	TATGACTATC GTGTTGAGTA TTTTGAAC _{TA} TTTCGTTCTA TTACCTTTGT ACGGTATGAT	780
25	ATTTAACTTA GCTGATATCG CAAATAATCT TAAAGTAATC ATTGTTTCAG GAATTATACC	840
	ATTCAATATT ATTAAGGTA TCGTTATTTT TATTGTATTT ATTTTACTAT ATAGAAGGCT	900
	TGCGAATTTT TTGAAAAGAA TTTAATCAAA TTAAAGCAAA ATAATATACA CATAATAATA	960
30	AAAAGCAGGT GACTATCAAT AAACGATAGC TTGCCTGCTT TTTCTATAGA ACATTTGTCT	1020
	AAAAAATCAA TTATTCaAAT TTTAAAGCGT CCCCATCAAA TGATTCGTCT GCAATTTTAA	1080
35	TAGAATCTG _t AGGGCATCCa TCAATTGCAT CTTCCATATC TTCATATAAT TCCTCAGGTA	1140
	CTTCTGCAGT ACCTTG _{TTA} TCGTCAAGGA TTACGAAAGC AATACCTTCG TCGTCGTAAT	1200
	CATATATATC TGGCGCTGCT GCACCGcATG CACCACATGC AATACAAGTA TCCATATCAA	1260
40	CGATTGTATA TTTTGCCAAT GTC _{TT} TCGCT CTTTGATAA AAATGCTAAA ATAGTAATGT	1320
	GACTAAAATT TTAGACAGCA TCATTTTTAT TTTCAAATTA TCCGTTTTAC AGAGTGAGGG	1380
	TTAAATTG _C AACACATTAT AAAACAGCA TTACAACAAA CATTTA _{ACTA} TAAAACAAAT	1440
45	AAAAGTATTT ACAATATCTT AGTTGGTAAG AAATCTCACC AAACCTTTTT TGACGCTTGT	1500
	AGTCAACAAC AGTTGTCATT ATATCACAGT TTACCACTAT TAAAATATCC GTCTTTTGAG	1560
	CTATTTcTAG AAAAAATCAA TGAATTTAAT GCTGAAATGG AAATCATGTT GCATCCTAGA	1620
50	TATACATTTG aAAGCATGGG GCAAACATTT CAAGCAATTC AACTATTAGT GCAAaCCATG	1680
	TCTAATACCA AACAACATGT TTTTCATTTT GTACCAATCT CTCAAAATAA TAAGATACa _m	1740

55

EP 0 786 519 A2

	AATGAACTAC	ATAACTTGTT	TAAAGCAATA	ACTTTAAAAG	GGCCATGTTA	CTTACATTAT	1860
	TATTTGCAAG	GCTATGATGA	ACCAATGTAT	ACGAGACAGC	AAGTTAGTTT	AATAGAAAAG	1920
5	CTATCTCAAC	AGCAATTGTT	TGAATACGAA	ATGAATAATT	TAGTGACAAT	GATGTTTGAA	1980
	TTAGAAAGTG	GAGAATATAC	TATTTTATCA	AAAATAATAA	TGAAACCTAC	ATTATTAAAT	2040
10	CAAACTTATA	TTACTTATAC	AAAATTGCTT	GAACAATTCA	CGATGGAAGA	TATAGCGGCT	2100
	CAACAACAAG	TTAAAATCAA	TACTATCGAA	GATCATGTAC	TTGAAATCTT	AATCAAAGGT	2160
	TACATGTCTA	ATTACGATGA	TTATGTTGAA	CTAGAAGATC	AACTCCAGTT	TTTGAATTTT	2220
15	TATCAACAGC	ATCGTGGCGA	ACGATTAAAA	TTTTACAAAG	AACAATTTGA	CACGTTATCA	2280
	TATTTTCAAT	TAAAAGTATT	AATCGTTGGA	TTTGAAAGAG	GTGATCTGAA	TGTTGCATGA	2340
	TATTTTACGA	AACAAATTTG	GATTCGAGAG	TTTTAAACCG	GGACAACAGG	AAATTATAGA	2400
20	AAGTATAATG	TCTCAACAAC	ACACTCTAGG	TATACTTCCA	ACTGGAAGTG	GAAAGAGTTT	2460
	GTGTTATCAA	ATACCTACGT	ATTTATCAGG	TAAGCCGACA	TTAATTATCT	CACCGTTAAT	2520
	ATCTTTAATG	GATGACCAAG	TTATGCAGTT	GAAAATAAAT	GGAGAAAAAC	GTGTAACATG	2580
25	TATTCACTCT	GGTATGGATG	AAATTGAGAA	AAAGCATAAT	ATTAAATGTT	TACGACATAG	2640
	CCGCTTCATC	TTTCTAAGTC	CAGAATTTCT	CCTGCAACCG	TCAAATTTTA	AATTAATATC	2700
	TATGATAGAC	TTTGGCATGA	TTGTTCTAGA	TGAAGCACAT	TGCCTATCTG	AATGGGGATA	2760
30	TGATTCAGA	CCACATTATG	CTCTAATAGG	AAAAGTAACA	AAGCATTTTA	AAGAAGCGGT	2820
	TGTCTTAGCA	TTGACAGCAA	CTGCACCACC	GCATTTACAA	GATGATTTGA	CGGAAATGTT	2880
35	AGCGATTCAA	TTCAATGTTA	TTAAACTAC	AATGAATCGC	CCAAATATAA	GCTTTAAGCA	2940
	TCTTAATTTT	CATGATGATG	AAGATAAAAT	TGAATGGTTG	CTGCCGTTTC	TACAACAGTC	3000
	GGGAGCAACG	ATTATTTATG	TCTCATCGAA	AAAGATGTGT	CTGAATTTAG	CGCAACTTAT	3060
40	TTATGATTCA	GGTTTTCTTA	CAGGTATTTA	TCATGGTGAT	ATGAATTATC	AAGAGCGACA	3120
	CACAGTTCAA	CAACAATTTT	TAAATAATGA	TATTCGATT	ATAGTCGCAA	CGAGTGCTTT	3180
	TGGTATGGGA	ATTAATAAAA	AAGATATTCG	CACAATCATT	CACTTTCATC	TTTCAACAAG	3240
45	TCCTTCTAAC	TACATTCAAG	AAATTGGCCG	TGCGGGTCGC	GATGGTGAAC	TAAGTCAGGC	3300
	AATTAGTTTA	TTCCAACCGG	ACGATAAATA	TATTTTAGAA	ACGTTATTAT	TTGCAGATAT	3360
	GATAACAGAA	GAAGATGTAC	AAAATTTCGA	AATAGGAGAA	TTTTTAGCTC	CCGATAAACA	3420
50	AGCCGTTTTG	ACAACGTTGc	AATCATTCTA	TAGTATCGGC	GCCTTGaAAC	AGATATTTAA	3480
	GCAATCATTT	AAACGAAAGC	AATTAGGATT	CTTTCGCATG	ATTGGCTATT	GCAAATTGGA	3540
55							

	ATGTTGTGAC AATGATTCTA ATATAACTGA TATCGCAATT TTAAATAAGA AGAAGGTAAT	3660
	TAGAAGTATT GGATTTGATG AAAAGTTGCA AAATTTATTT CTCAGATAGT ATTACTTTAC	3720
5	TAAAAGAAAA TTGACAAGCT ATAATTAGTG TATACACAAT TGAAAAATGA TTGAAATAAT	3780
	TTTGAAAAAT ATACATAAAC ATATGTCATG TGGGTATATT TTATGTAAAA TCATTGTAAT	3840
10	AGAATAGAAA GGAAGATGGC TATGTCTAAT AATTTTAAAG ATGACTTTGA AAAAAATCGT	3900
	CAATCGATAG ACACAAATTC ACATCAAGAC CATAACGGAAG ATGTTGAAAA AGACCAATCA	3960
	GAATTAGAAC ATCAGGATAC AATAGAGAAT ACGGAGCAAC AGTTCCGCC AAGAAATGCC	4020
15	CAAAGAAGAA AAAGACGCCG TGATTTAGCA ACGAATCATA ATAAACAAGT TCACAATGAA	4080
	TCACAAACAT CTGAAGACAA TGTTCAAAAT GAGGCTGGCA CAATAGATGA TCGTCAAGTC	4140
	GAATCATCAC ACAGTACTGA AaGTCAAGAA CCTAGCCATC AAGACAGTAC ACCTCAACAT	4200
20	GAAGAGGAAT ATTATAATAA GAATGCTTTT GCAATGGATA AATCACATCC AGAACCAATC	4260
	GAAGACAATG ATAAACACGA TACTATTAAA AATGCAGAAA ATAACACTGA GCATTCAACA	4320
	GTTTCTGATA AGAGTGAAGC TGAACAATCT CAGCAACCTA AACCATATTT TACAACAGGT	4380
25	GCTAACCAAT CAGAAACATC AAAAAATGAA CATGATAATG ATTCTGTAAA ACAAGATCAA	4440
	GATGAACCTA AAGAACATCA TAATGGTAAA AAAGCAGCAG CTATTGGTGC TGGAACAGCA	4500
30	GGTGTTCAG GTGCAGCTGG TGCAATGGCT GCTTCTAAAG CTAAGAAACA TTCAAATGAC	4560
	GCTCAAAACA AAAGTAATTC TGGCAAGGCG AATAACTCGA CTGAGGATAA AGCGTCTCAA	4620
	GATAAGTCTA AAGATCATCA TAATGGCAAA AAAGGTGCAG CGATCGGTGC TGGAACAGCA	4680
35	GGTTTGGCTG GAGGCGCagC AAGTAAAAGT GCTTCTGCCG CTTCAAAACC ACATGCCTCT	4740
	AATAATGCAA GCCAAAACCA TGATGAACAT GACAATCATG ACAGAGATAA AGAACGTAAA	4800
	AAAGGTGGCA TGGCCAAAGT ATTGTTACCA TTAATTGCAG CTGTACTAAT TATCGGTGCA	4860
40	TTAGCGATAT TTGGAGGCAT GGCATTAAAC AATCATAATA ATGGTACAAA AGAAAAATAA	4920
	ATCGCGAATA CAAATAAAAA TAATGCTGAT GAAAGTAAAG ACAAAGACAC ATCTAAAGAC	4980
	GCTTCTAAAG ATAAATCAAA ATCTACAGAC AGTGATAAAT CAAAAGAGGA TCAAGACAAA	5040
45	GCGACTAAAG ATGAATCTGA TAATGATCAA AACAACGCTA ATCAAGCGAA CAATCAAGCA	5100
	CAAAATAATC AAAATCAACA ACAAGCTAAT CAAAATCAAC AACAGCAACA ACAACGTCAA	5160
50	GGTGGTGGCC AAAGACATAC AGTGAATGGT CAAGAAAAC TATACCGTAT CGCAATTCAA	5220
	TACTACGGTT CAGGTTTACC GGAAAATGTT GAAAAATTA GACGTGCCAA TGGTTTAAGT	5280
55	GGTAACAATA TTAGAAACGG TCAACAAATC GTTATTCCAT AATATAACTA TATAAATTGT	5340

EP 0 786 519 A2

	TAAATTGCGC TTATAAGTAT GTAGCGGTTT TTTCAATTTT CAAAGTTTGT TATTTAACAA	5460
	GGTCTTGTCT CGAATATTGG CATATCAATT TAACCTTTTA AATAGTCATC AAAAAGATAA	5520
5	AACACCACAA TCAACAAATT TAACGAGGAA GAATAAAAAA TAAATCAACA TATTAAATTG	5580
	TAGTGTTATT CAACTCCGTA GCTAACAATT CTCTATTCAC ATTAAACAAA TTGTCAAAAA	5640
	TATATCATAA ATCTTCAAGC ACAGACTTAG CGCATCAATC ACTGAACTGT TATAATAGTT	5700
10	TGGGATTAAA GGAGGCCGAA ACAATGCAAA AAGTTGAAAG TATCATAATT GGTGGAGGGC	5760
	CATGCGGATT AAGTGCGGCT ATTGAACAAA AAAGAAAAGG TATTGATACC TTAATTATTG	5820
	AAAAGGGTAA TGTCGTTGAA TCAATCTACA ATTATCCTAC TCACCAAACA TTTTCTCAT	5880
15	CAAGTGATAA ATTAAGTATT GGGcGAgTAC CGTTTATCGT TGAAGAAAGT AAACCAAGAC	5940
	GTAATCAAGC GCTAGTTTAT TACCGAGAAG TTGTAAAACA TCATCAATTA AAAGTAAATG	6000
20	CATTTGAAGA AGTATTAAGT GTTAAAAAAA TGAATAATAA ATTTACTATT ACTACGACGA	6060
	AAGATGTTTA TGAATGTCGA TTTTAAACAA TCGCGACAGG CTATTATGGT CAGCATAATA	6120
	CATTAGAAGT TGAAGGTGCG GATTTACCTA AAGTGTTCCA TTATTTTAAA GAGGCACATC	6180
25	CGTATTTTGA TCAAGATGTT GTAAATTATCG GTGGTAAGAA TTCGGCTATC GATGCTGCTT	6240
	TGGAGTTGGA AAAAGCTGGT GCTAACGTGA CGGTTCTATA TCGTGGTGGA GATTATTCGC	6300
	CTTCAATTAA ACCGTGGATA CTTCCAAATT TCACAGCATT AGTAAATCAT GAAAAAATTG	6360
30	ACATGGAATT TAATGCTAAT GTTACCCAAA TAACTGAAGA TACTGTGACT TATGAAGTAA	6420
	ATGGTGAAAG TAAAACGATA CACAATGATT ATGTATTTGC GATGATTGGT TATCATCCCG	6480
	ATTATGAATT TTTAAATCT GTAGGCATTC AAATTAATAC AAATGAATTT GGAACAGCGC	6540
35	CTATGTATAA TAAAGAAACA TACGAAACAA ATATCGAAAA TTGCTATATT GCAGGTGTAA	6600
	TTGCTGCAGG GAACGATGCG AATACCATT TTTTGAAGAA TGGTAAATTC CACGGGGGCA	6660
40	TTATTGCTCA AAGCATGCTA GCTAAGAAAC AAACGCCCTT AGAATCATAA AAATAAAGGT	6720
	CTATGTACTA AATAACTTAG TTTTACAACG ACTGACATTC ATGATATGTC AAATGAGGTT	6780
	GATGACTATT GATTGTACAT AGACCTTTTT ATGTTACGTA TTCATTATAA TTCAAAATAT	6840
45	GATTTGATTT CAGCTTTATC TAAATTGTTG CTTAACGCGA CTAATAATTT TAATCTTGCT	6900
	TTTGGACCAT TCAAGCCGTT AGAAAAATA AAACCTTGTT GTGCGAGTTG GTAACCACCA	6960
	CCATCGTATG CGTAAGTTGG ACTCACAATA CCATTAAAGG AACGTGAAAC TAGCACAATA	7020
50	GGTATATTTA AAGATACTAA TTGTTGAATG CCTTCTAATG CGCTTGAGG TATGTTGCCT	7080
	TGTCCTAACG CTTCAATAAC CATACCATCG ATACCTTCTC GACTATAAAA ACTAAAAATG	7140

55

TCCAATGCTT GTTGGCGATA TGGCATATGA TGGAATTGCA CACGATCCTT TGTC AATACA 7260
 CCTAGCGGAC CATGATTTGG ACTTTGAAAT GTGTTTGTAT TAGACGTATG TGT TTTGGTA 7320
 5 ACATTACGCG CCGTATGAAT TTCATCATTA AaTACAACCA TCACGCCTTT ATGACGGGCC 7380
 TTTTCATCAG AGGCAACGCG AATAGCGGAA ATATAATTAT ATAATCCGTC AGAACCAATT 7440
 TCATTAGACG AGCGCATTGG CCAAGAA nTA ACAACAGGTT G 7481

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 237:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6346 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 237:

ATGAATTATA CCTTCCACTA GAAGTGTCGG TATTTATGTG CCTGGTGGTA AAGCAAGTTA 60
 TCCTTCAACG GTATTAATGA CAGCGACGTT AGCACAAGTA GCAGGTGTGG AAAATATTGT 120
 25 CGTTGTGACA CCACCTCAAC CTAATGGTGT GTCTCAAGAA GTATTAGCAG CATGCTATAT 180
 TACGCAAGTT GATCAAGTAT TTCAAGTTGG TGGTGCTCAA AGTATTGCTG CGTTAACTTA 240
 TGGCACAGAA ACGATACCTA AAGTTGATAA GATTGTAGGT CCAGGCAATC AATTGTGTTGC 300
 30 ATATGCCAAG AAATATTTAT TTGGACAAGT AGGTATTGAC CAAATAGCTG GACCAACAGA 360
 AATAGCACTT ATTATTGATG AAACAGCAGA TTTAGATGCC ATCGTATATG ATGTTTTTGC 420
 ACAAGCAGAA CATGATGAAT TAGCACGTAC ATATGCCATT AGTGAAGATG CGCAAGTCCT 480
 35 TAAAGATTTA GAATCACGTA TTGCTAAAGC ATTGCCTAAT GTGGACAGAT ACGACATTGT 540
 TTCTAAAAGT ATCGCTAATC AACACTACCT TATCCATGCT AGTAATTTTG ATGAAGCATG 600
 CCATGTCATG AATACAATCG CGCCTGAACA TGCCTCGATT CAAACAGTAA ATCCTCAACC 660
 40 ATATATTGAA AAAGTGAAAT ATGTGGGTGC ATTGTTTATT GGACATTATT CGCCAGAGGT 720
 CATAGGAGAT TACGTTGCAG GTCCAAGTCA TGTATTACCT ACAAATAGAA CAGCTAGATT 780
 45 TACCAATGGG TTATCGGTCA ATGATTTCTT AACACGGAAC ACGGTCATCC ATTTATCAAA 840
 AGATACGTTT GAACAAATTG CTGATTACAG ACAACATATT GTCATGTTG AAGCATTATA 900
 CAATCACCAG CAGTCTATTT TAATACGTCA GTCTTAGGGG AGTGTAATTG AAATGATTTA 960
 50 TATTGATAAA AATGAAAGTC CAGTTACGCC GTTGGATGAA AAAACAATGA CGTCTATTAT 1020
 TAGTGCAACg ChATATAATT TATATCCTGA TGCAGCATAT GAACAATTCA AGGAAGCTTA 1080

55

	GATTCAAAAG TTAATGCTGA TCATGCCAGA AGGTCCGGCA TTAACGCTAA ATCCTGATTT	1200
	TTTTATGTAT CAAGCATATG CGGCACAAGT AAATCGTGAA ATTGCATTTG TAGATGCAGG	1260
5	ATCAGATTIA ACGTTTGATT TGGAAACCAT TTAAACGAAA ATCGATGAAG TACAACCATC	1320
	ATTTTTTATT ATGAGTAATC CACATAACCC TTCAGGCAAG CAATTTGATA CGGCATTTTT	1380
	AACAGCTATT GCAGATAAGA TGAAAGCATT AAACGGATAC TTTGTCATTG ATGAAGCATA	1440
10	TTTAGATTAT GGTACGGCAT ATGACGTGGA ACTGGCACCA CACATCTTAA GAATGCGTAC	1500
	ATTATCAAAG GCGTTTGGA TTGCCGGCTT AAGATTAGGT GTCTTAATTA GTACTGCTGG	1560
	AACGATAAAG CATATTCAAA AAATAGAACA TCCATATCCA TTAAATGTAT TTACGCTAAA	1620
15	TATTGCGACT TATATTTTTA GACATAGAGA AGAGACAAGA CAATTTTAA CGATGCAACG	1680
	ACAGTTAGCT GAGCAGTTAA AACAAATATT TGATACACAT GTTGCAAGATA AAATGTCAGT	1740
20	GTTCCCATCA AATGCTAATT TTGTACTTAC TAAAGGCTCA GCAGCGCAAC AATTAGGACA	1800
	ATACGTATAT GAACAAGGAT TTAAACCTCG CTTTTATGAT GAGCCGGTGA TGAAGGGCTA	1860
	TGTAAGATAC TCAATTGCAA CAGCATCACA GTTAAAGCAA TTAGAAGAAA TTGTAAAGA	1920
25	ATGGAGTGCA AAATATGATT TATCAAAAAC AACGAAACAC AGCTGAAACG CAACTAAATA	1980
	TTTCAATATC TGATGATCAG TCACCATCGC ATATTAATAC AGGTGTGGGC TTTTAAATC	2040
	ATATGTTAAC CTGTGTTACA TTTCATAGCG GTCTGTCATT AAACATTGAG GCACAAGGTG	2100
30	ATATTGACGT AGATGATCAC CACGTAAGTG AAGATATCGG CATTGTCATT GGCCAATTGT	2160
	TACTTGAAAT GATTAAAGAT AAAAAGCATT TCGTTCGTTA TGGAACGATG TACATTCCAA	2220
	TGGATGAAAC ATTAGCACGT GTCGTTGTGG ATATAAGTGG GCGCCCATAC CTATCATTCA	2280
35	ATGCATCATT AAGTAAAGAA AAAGTTGGTA CGTTTGATAC GGAGTTAGTA GAAGAATTTT	2340
	TTAGAGCGGT CGTAATCAAT GCAAGATTAA CAACGCATAT TGATTTAATT CGTGGAGGTA	2400
	ATACACACCA TGAAATTGAA GCTATATTCA AAGCGTTTTC CCGTGCAATTA GGCATAGCGC	2460
40	TAACTGCAAC TGATGATCAG CGTGTGCCGT CATCGAAAGG TGTGATTGAA TGATTGTCAT	2520
	CGTTGATTAT GGATTAGGGA ATATTAGTAA TGTAACACGC GCTATTGAAC ATTTAGGGTA	2580
45	TGAGGTGGTT GTCTCAAATA CCTCAAAAAT AATCGATCAA GCAGAAACAA TCATATTGCC	2640
	CGGTGTCCGC CATTTTAAAG ATGCGATGTC AGAGATAAAA CGATTAAATC TCAATGCAAT	2700
	ATTGGCTAAG AATACTGATA AGAAGATGAT TGGTATTGTG TTAGGCATGC AATTAATGTA	2760
50	TGAGCATAGT GATGAAGGCG ATGCATCTGG ATTAGGTTT ATCCCAGGAA ATATTTCCGC	2820
	TATCCAAACA GAATACCCAG TGCCACACTT AGGCTGGAAT AATTTAGTGA GTAAGCACCC	2880
55		

EP 0 786 519 A2

AATTGCATAT GCGCAGTATG GGGCTGATAT TCCGGCAATT GTTCAATTTA ACAATTATAT 3000
 TGGTATTCAA TTCCATCCTG AAAAAAGCGG TACATATGGG TTACAAATTT TGCCTCAGGC 3060
 5 AATACAAGGG GGATTTATAA ATGATTGAAT TATGGCCAGC GATTGATTTG ATTGGGTCAA 3120
 CAAGTGTGAG GTTAACAGAG GGTAAATATG ATAGTGAAGA AAAAAATGTCA CGCTCGGCTG 3180
 AAGAAAGTAT TGCTTACTAT AGTCAATTTG AATGTGTGAA TCGTATTCAT ATCGTCGACT 3240
 10 TGATAGGTGC TAAGGCACAG CATGCCCGAG AGTTTGATTA TATTAAGTCA TTGAGGAGAT 3300
 TAACAACCAA AGATATTGAA GTAGGTGGTG GCATTCGTAC GAAGTCACAA ATCATGGACT 3360
 ACTTTGCCGC AGGGATTAAT TATTGCATAG TTGGAACGAA AGGTATTCAA GATACTGATT 3420
 15 GGCTTAAAGA GATGGCACAT ACATTTCCAG GTCGCATTTA TTTATCTGTT GATGCCTATG 3480
 GAGAAGATAT TAAAGTGAAC GGATGGGAAG AGGACACAGA GTTAAATTTA TTTAGTTTTG 3540
 20 TGAGACGGTT ATCGGATATA CCTCTTGGCG GCATTATATA TACTGATATT GCTAAAGATG 3600
 GCAAAATGTC CGGACCTAAC TTTGAATTAA CTGGTCAATT AGTAAAGGCA ACGACGATTC 3660
 CTGTCATTGC TTCCGGTGGT ATTAGACATC AGCAAGATAT TCAACGATTA GCGTCGCTAA 3720
 25 ATGTTACGCG TGCTATTATA GGAAAGGCTG CACATCAAGC ATCTTTTGG GAGGGGCTAA 3780
 AATGATTAAA AAACGTATCA TTCCATGTTT AGATGTCAAA GATGGTCGTG TCGTTAAAGG 3840
 GATTCAATTT AAAGGATTAA GGGATATTGG GAATCCTGTT GATTTAGCAA TGTATTACAA 3900
 30 TGAAGCGGGT GCTGATGAAT TAGTATTTTT AGACATCTCT AAGACGGAAG AGGGTCATAG 3960
 CTTAATGCTA GAAGTGATTG AACAGACAGC GTCACGCTTG TTTATCCCTC TTAGTGTAGG 4020
 GGGTGGGATT CAAAGTCTCG ATGATATTAC CCAATTGCTA AATCATGGTG CAGATAAAGT 4080
 35 ATCATTAAAT TCAAGTGCTT TAAAAAATCC ACAGCTCATT AAACAAGCGA GTGATAAATT 4140
 CGGTAGACAA TGCATCTGCA TAGCAATTGA TAGCTATTAT GATCCTGAAA GAAAAGCACA 4200
 TTATTGTTGT ACGACTGGTG GTAAAAAAT GACAAATATT AAAGTATATG ACTGGGTACA 4260
 40 GCAAGTAGAA CAGTTAGGTG CAGGTGAGCT CCTCGTTACA AGTATGGGAC ATGATGGTAT 4320
 GAAACAAGGC TTTGATATTG AACACCTAGC AAATATTAAG TCTCTGTAA ATATTCCAAT 4380
 45 CATTGCTTCT GGTGGTGGTG GCAATGCACA ACACTTTGTA GAATTATTTG ATCAGACGGA 4440
 TGTTTCTGCA GGTTTAGCTG CAAGTATATT ACATGATCGA GAAACGACGG TTCAATCTAT 4500
 TAAAGAAGTG ATACGGCAAG GGGGTATAGC AGTAAGATGA CCAAATATAA AATTGATTTT 4560
 50 AGCAAAGGTT TAGTGCCAGC AATTTTACAA GATAATCAAA CAAAACAAGT ATTGATGTTG 4620
 GGTATATGA ACCAAGAAGC TTTTGATAAA ACGATAGAAG ATGGTGTGGT ATGTTTCTAT 4680
 55

AAAGATATTC ATGTAGATTG CGACAATGAC ACTATTTTAA TTGATGTCAT ACCAAATGGA 4800
 CCAACATGTC ATACAGGCAG TCAAAGTTGT TTCAACACAG AAGTTCCATT TTCAGTGCAA 4860
 5 ACATTAGCGC AGACAGTTCA AGATAGTGCC CAATCCAATA ATGAAAAGTC ATATACAAAA 4920
 TATTTATTAA CAGAAGGTAT AGAAAAGATT ACAAAAAAAT ACGGTGAAGA AGCTTTTGAA 4980
 GTCGTAATTG AAGCAATTAA AGGTGACAAA AAAGCATTTG TAAGTGAAGT AGCAGATGAA 5040
 10 CTTTATCATT TATTTGTCTT GATGCATGCG CTGGCGTCG ATTTTTCAGA AATTGAGGCG 5100
 GAATTAGCGC GTAGACATCA TAAGCGCAAT AACTTTAAAG GTGAACGACA AAATATCGAA 5160
 CAGTGGTAAA GCAAGTATGG ACTAAGATAT AAGGAAAAGG ATCATGGCTT ATACACTTAC 5220
 15 AAATATTGTG GAAAACGTGA CATTTTCAAG TTTAAAATAC GACACCAACA TATTTTAACT 5280
 ATGAATGCTG TGATGGTACT AAAGTTGCGA ACTCGTTATA GATAAGTAGT GGATAATCAC 5340
 AATACGAAAT CAAAAATAAT TATAAAAAGT AAATTGAGCA ACTCAGGAAT AGATGTCACT 5400
 20 GTTAAAGATG TCGAAAAGTA TATGAATCGA TATAATGAAG TTATGAAGGG AAAAAATGGC 5460
 GAAAAAGCTA AAGAGTTATG TTTGTCTTAA CTACCTATTA ATATCATAGT TGTCTTTACA 5520
 25 TTCTTTGTAT TTATACTATA AATACAAATA TATCTAGCCT GAAATAGAAA TGTCATAGCC 5580
 TATTTAAAAG ACAATCTCCA TTAGAACTAA GATATGCATC CCGAAAGTTA GACTAAAAAA 5640
 CTAACCTTAT GGGATGTATT TTTATGCTAA TCATCATAAA TTCGAGATTA AGTTAAAGGT 5700
 30 AGTTCAAGAG TAATTAAACA ATAAATwAAA AATAGTAGGA TACTTACTTT GAGGGAAGAA 5760
 AATTAAGTGT ATATATTTAG TTTAGGAACA AGTATTACGG TTTATCCTGA TACAATTATT 5820
 GTGGATGGGA TGATATTTTT AGGTTTAAAA TACGACACCA GCAAACATAA TAACTGTAAT 5880
 35 AGCTCATAAA TCTCCCCATA TAGCTAATCT AAAAAAATAA TACATCATTG GAATTAAGCC 5940
 CCAAGCATGT AAATATTAAA AATCAAAAmA GATATmTGTA AAAaAGTTAC AATTtGCATA 6000
 ATTAAATTGT GTCTAATTAT TGAATAATTA AATTTTGCCA AATATAATAT TAATTAATAA 6060
 40 TTTGaAATGA TTAGCGTATA CACTTTAAAT TCTCTTTGGA GAATATATTT TTTAAATACA 6120
 AATGTAAACG CTTTCTCGTC AAATTAAACA ATAGAAAGGA TGGTCATTAT GAGTGCTTGG 6180
 TTAAGTAAAT TATTTGAGTT TATTCCTCGA ATAATTATCA ATTTGTTTAT CTAAAATAAA 6240
 45 AAAATAGAGG TGCTGACAAT GATGAAAAGT CAAAATAAGT ATAGTATTCG TAAATTTAGT 6300
 GTAGGTGCAT CTTCCATTTT AATAGCTACA TTACTATTTT TAAGTG 6346

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 238:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3775 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 238:

	TGATAATGAT TCTCATTGTC ATACATCACG AAGGAGGCTA ATTAGTCAAT GAATAAAGTA	60
10	ATTAAAATGC TTGTTGTTAC GCTTGCTTTC CTACTTGTTT TAGCAGGATG TAGTGGGAAT	120
	TCAAATAAAC AATCATCTGA TAACAAAGAT AAGGAAACAA CTTCAATTAA ACATGCAATG	180
	GGtACAAC TG AAATTAAAGG GAAACCAAAG CGTGTTGTTA CGCTATATCA AGGTGCCACT	240
15	GACGTCGCTG TATCTTTAGG TGTTAAACCT GTAGGTGCTG TAGAATCATG GACACAAAAA	300
	CCGAAATTCG AATACATAAA AAATGATTTA AAAGATACTA AGATTGTAGG TCAAGAACCT	360
	GCACCTAACT TAGAGGAAAT CTCTAAATTA AAACCGGACT TAATTGTGCG GTCAAAAGTT	420
20	AGAAATGAAA AAGTTTACGA TCAATTATCT AAAATCGCAC CAACAGTTTC TACTGATACA	480
	GTTTTCAAAT TCAAAGATAC AACTAAGTTA ATGGGGAAAG CTTTAGGGAA AGAAAAAGAA	540
	GCTGAAGATT TACTTAAAA GTACGATGAT AAAGTAGCTG CATTCCAAAA AGATGCAAAA	600
25	GCAAAGTATA AAGATGCATG GCCATTGAAA GCTTCAGTTG TTAAGTTCCG TGCTGATCAT	660
	ACAAGAATTT ATGCTGGTGG ATATGCTGGT GAAATCTTAA ATGATTTAGG ATTCAAACGT	720
	AATAAGACT TACAAAAACA ACTTGATAAT GGTAAAGATA TTATCCAACT TACATCTAAA	780
30	GAAAGCATT CATTAAATGAA CGCTGATCAT ATTTTTGTAG TAAAATCAGA TCCAAATGCG	840
	AAAGATGCTG CATTAGTTAA AAAGACTGAA AGCGAATGGA CTTCAAGTAA AGAGTGGA	900
35	AATTTAGACG CaGTTAAAA CAACCAAGTA TCTGATGATT TAGATGAAAT CACTTGGAAC	960
	TTAGCTGGCG GATATAAATC TTCATTAAAA CTTATTGACG ATTTATATGA AAAGTTAAAT	1020
	ATTGAAAAAC AATCAAATA ATTAAGGAGT TTTACGATGC TACTTAAACC AAAATACCAA	1080
40	ATCGTTATTG CTGGTTTATG TCTTGCAATA GTAGCTATCT TAAGTTTAAT GATTGGAAAT	1140
	ACGCTTGTGT CACCAGGTAC GGTGATACAG GCGTTATTCA ACTTTGATAG TGAAAACGAT	1200
	TTACATGATG TTGTCAC TGG TGCACGGGCG TCGAGAACAA TCATTGCGTT ATTGACTGGT	1260
45	GCTGCCCTTG CTGTCTCAGG TTTGTTGATG CAAGCACTTA CACGAAACCC AATAGCCTCA	1320
	CCAGGGCTTT TCGGTGTCAA TGCAGGCGCA GTATTTTTTG TCATTTTTAG TATTACATTT	1380
	ATCCAAATTC AATCTTTTAA AATGATTGTA GTTATTGCAT TTTTGGGGGC TATTGTTGTT	1440
50	ACTGTATTAG TTGTTGCACT AGGTATGTTT AGACAAACAC TATTCTCACC TCACCGTGTC	1500
	ATTTTGGCAG GTGCTGCGAT TCGGATGCTA TTTACAGCCT TTAAGCAAGG CATACTTATT	1560

55

EP 0 786 519 A2

	AATATTTGGG ATATCCCATG GATTATTCCG CTTGTATTGA TACTTATTTT AATTGCATTT	1680
	AGCATGGCTG CACACATCAA CATCTTGATG ACAAGTGACG ACATTGCAAC CGGCCTCGGT	1740
5	CAAAACATAA AATTAATCAA ATGGATGATT ATTATGCTCA TCAGTATGTT AGCCGGTATT	1800
	TCGGTAGCCG TAGCTGGATC AATCGTCTTT GTGGGTCTTA TCGTACCGAA TATTAGCAAA	1860
	CGATTATTAC CACCAAACTA TAAGTATTTA ATTCCTTTTA CTGCATTAGC TGGAGCAATC	1920
10	CTAATGATCA TTTCAGACAT TGTGCTCGT ATAATAATTA AGCCACTAGA GTTGCCTATC	1980
	GGTGTGCTTA CCGCTGTCAT TGGCGCTATT GTCTTAATCT ATATTATGAA GAAAGGACGT	2040
	CAACGCTTAT GACCGAAAAG ATTAATAAAA AAGACAATTA CCATCTCATC TTCGCGTTAA	2100
15	TCTTTTATAGC CATCGTTTCA GTGGTAAGTA TGATGATTGG TTCAAGCTTT ATACCATTAC	2160
	AACGCGTACT GATGTACTTT ATAAATCCAA ATGACAGTAT GGATCAATTC ACTTTAGAAG	2220
20	TATTACGCTT ACCTCGCATT ACACCTGCGA TTTTAGCAGG TGCCGCACTA GGAATGAGTG	2280
	GTTTAATGTT GCAAAATGTA TTAATAAATC CAATTGCCTC ACCTGATATT ATCGGTATCA	2340
	CAGGTGGTGC TAGCTTAAGT GCTGTTGTCT TTATTGCATT TTTCAGCCAT TTAACAATAC	2400
25	ATTTACTTCC ACTATTTGCA GTATTAGGTG GCGCAGTTGC AATGATGATA CTATTAGTGT	2460
	TTCAAACGAA AGGACAAATA CGCCCAGCAA CACTCATAAT CATCGGTATT TCGATGCAAA	2520
	CGTTGTTTAT TGCGCTTGTC CAAGGATTAC TCATTACAAC GAAGCAATTA TCTGCTGCCA	2580
30	AAGCTTATAC ATGGCTAGTC GGAAGTCTTT ACGGTGCTAC GTTTAAAGAT ACAATCATT	2640
	TGGGTATGGT TATTTTAGCT GTTGTGCCGT TGTATTCTCT TGTATACCA AAAATGAAAA	2700
	TATCTATACT TGATGACCCT GTAGCGATTG GCTTAGGCTT ACATGTACAA CGTATGAAAC	2760
35	TAATCCAATT AATCACTTCT ACTATACTCG TATCTATGGC AATCAGTTTA GTAGGTAACA	2820
	TTGGSTTTGT CGGTTTAATC GCACCACATA TCGCGAAAAC AATCGTTTCGC GGAAGTTATG	2880
	CTAAAAAGTT ACTAATGTCA GCAATGATTG GTGCCATATC AATTGTTATT GCAGACTTAA	2940
40	TTGGGCGTAC CTTATTCTTG CCTAAAGAAG TGCCAGCAGG TGTATTTATT GCTGCTTTTG	3000
	GTGCCCCATT CTTATATAC TTATTATTAA CCGTGAAAAA GTTATAACGA TATTATTAAA	3060
45	ACAAAATGAC CTCACAACGA AGTTAGCTAA ATGATTCACT TAACTAACCG TTGCGAGGTT	3120
	TTTTTATACA TATAGTTGTT GTTATTGTTA ACAAGCGTCG ACTTTCTTAA TTACATATTA	3180
	ATACTTTATA TACAAATAAC ACCGACTCAT ATTCTATAAT ATCAATCAAT ATTCTTCGAT	3240
50	TTTTCAAATA TCGATAACTA TTTCTTATTT AAATATAGTG TTTGATAATG TCATTTATTC	3300
	AAAAACACAA ATTTTAATAA AAATATCATA TTATTTTAA TTGTAAATTA TGGATTATTT	3360

55

ATATAATAAC CATGACAAAA TTAGAGATTT TATAATCATT GAAGCATATA TGtntCGTTT 3480
 TAAGAAAAAA GTCAAGCCTG AAGTCGATAT GACTATAAAA GAATTTATAT TACTGACTTA 3540
 5 TTTATTTTCAT CAGCAAGAAA ACACACTTCC ATTGAAGAAG ATTGTTTCAG ATTTATGTTA 3600
 TAAACAATCG GATTTAGTAC AGCATATAAA AGTACTTGTG AAACATTCAT ATATTAGTAA 3660
 AGTTCGAAGT AAAATTGATG AGCGTAATAC TTACATTTCA ATATCTGAAG AACAAChAGA 3720
 10 nAAAATTGCA GAACnTGTTA CATTGTTTGA TCAAATCATT AAACAATTTA ACCTT 3775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 239:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 1361 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 239:

AGAAAAATTA GCCTACCTAT GCAAGTTGTT ATTGCATTAG TGTTAGGTGT TGTCGTAGGA 60
 25 CTTTTATTAT ATGGACAAGA AAACGTAGCA AATTACATTA AACCATTGTTG TGACGTATTT 120
 TTAAATTTAA TTAATATGAT CGTTATACCA GTTGTATTTT GCTCACTAGC GCTTTCTATT 180
 TCGAACGTTG GGAATCGAA AACTGTAGGG CGTTATGGCT GGAAAACAAT TTTATACTTT 240
 30 GAAATTATTA CAACAATCGC AATAGGTTTA GGGATTATCT TCGGTAACCT ATTTAAACCA 300
 GGTGCTGGAT TAGACCCAAC AAAATTACCT AAAGGTGATA TTTCTAAATA TCAATCAACT 360
 GCACATGCAG CAGAACAATC TACATATGGA AATCATTTTA TTGATACCAT TGTACATATT 420
 35 ATTCCGACAA ACTTTTTTGA AGCTTTAAAT AAGGGTGAAT TATTACCTAT TATCTTCTTC 480
 GCAGTATTCT TTGGATTAGG ATTAGCTGCT GTAGGTAAAA AAGCAGAACC AGTTAAAGAA 540
 TTTTAAAGCG GATCGCTTGA AGCTGTGTTC TGGATGATTA ATAAAAATTT AAAATTAGCA 600
 40 CCACTTGGAG TGTTTGCAAT CATTTGTACT ACAATTATTA CATTTGGTGC ATCCGCATTA 660
 TTACCACTAT TAAAATTAGT ATTAGTTGTT GTCTTTGCAA TGGTGTTCTT TGTATTCGCT 720
 ATACTAGGAC TAGTTGCATG GATGTGTGGT ATTAATATCA TGAATATTAT TAGAATCTTG 780
 45 AAAAGTGAAT TGCTTTTAGC ATTTTCTACA TCAAGTTCGG AAGCTGTACT TCCTGTAATG 840
 ATGAAGAAAA TGGAAACTT CGGTTCTCCA AAAGAAATTA CTTCTTTTGT TATACCAATT 900
 50 GGTATACGT TAACTTAGA TGGATCAGCA CTTTATCAAT CTATTGCAGC ATTATTCGTT 960
 GCACAGATGT ATGGAATGCA CTTAACATTA TCAGAGCAAA TTGTGTTGAT GTTAACATTA 1020

55

ACATTAGGTG CCATGGGCTT ACCGGCACAA GGTTTAGCAT TAATTATTGG TGTGACCGT 1140
 ATCTTAGATA TGGTACGTAC ATGTGTAAAC GTTATTGGTA ATGCATTATC AACAAATCGTT 1200
 5 ATAGCTAAAT GGGAAAACGT ATATGACAAA GCAAAAGGTC AAGAATATTT AAAATCAATT 1260
 TAAAAAATAC TATCTGACAT TTAAGnCCC TTACAACCTT TGGTTgTnAG GGCTnTTTTA 1320
 TGTGATGCGT CTAAAGCCA GGCCGTATAn CGGTAAGCGT A 1361

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1489 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 240:

TCAATATGTA AATCGGCGAT TGTCCCTATC tTCATACCCT TACCTTCTTT ACTCAAATTA 60
 AAATGTTATT TATTATGCCA TaGCTTATCT AATATATATA GTTAACTGCT TCATTTAGAT 120
 25 GATTATTTTA TATTTTGGCA TAAAACTTA TATCTTTTCA AAAAAATCGA TAAGTTTTAG 180
 TTATCATACC CTTACCTATC AAATGTTTTT TCTTATATTT AAAAAAATAA TTGCTTTATT 240
 AAATGGATTT CTTAGTATT TATAATTAAAG AAAACGCTTA CACACAACCT TTTTATTGTC 300
 30 TTTATCCTGA GGAGGAAAAT TATGGCAAGA AAATTGCATA GAGAGTTGAA TAACAGACAC 360
 ATCCAATTAA TAGCAATTGG GGGCGCAATT GGAACGGGT TATTCCTAGG ATCAGGTCAA 420
 ACAATATCTT TAACTGGTCC ATCACTGTTA TTCACATACA TGATTATTGG GGTGTACTA 480
 35 TTCGCTTTTA TCGCGCATT AGGCGAATTG TTGTTGAGCA ATACAAGATT TAATTCATTT 540
 GTTGATATTG CAAATGAATA TTTAGGCCCT TTTGGTGGCT TTGTCATTGG CTGGACTTAC 600
 TGGTTATGTT GGATTGTATC AAGTATGTCA GACCTAACTG CGATGGGACA ATACTTTGCA 660
 40 TTTTGGTATC CACAAGTCCC AAATTGGATT ACCGTGCTAT TTATTGTTTT AATCTTGATT 720
 AGCTTCAACT TATTAGGTGC CAGATTATTT GGTGAACTGG AGTTTTGGTT CTCGATTATT 780
 AAAGTTGTCA CAATTATTGC GATGGTTATC GTTGGTCTTG TATTAATCTT TTTCTCATTT 840
 45 AAAACACATT ATGGACATGC ATCATTCACA AACTTAATCA GTCACGGTGG CATGTTCCCT 900
 GGTGGAaCAT TTGGTTTCTT AATGTCATTC CAAATTGCTG TATATTCATT CATTGGTATT 960
 50 GAACTTATAG GTGTAACTGC TGGTGAAaCG AAAGATCCTG AAAAAACCTT ACCGAAAGCA 1020
 ATTAATAATG TACCTATCCG TATTTTATTA TTCTATATCG GTGGTCTATT AGTAATTATG 1080

EP 0 786 519 A2

TTAATCGGCG TACCATTTGC AGCAGGTGTC GTTAACTTTG TCGTGCTAAC TGCCGCGGCC 1200
 TCTGCTACAA ATAGTGGTAT CTATTCGAAT AGTCGTATCT TATTCGGACT GTCACAACAA 1260
 5 GGGTTAGGTC CTAAAGTTTT AAATAAAACG AATAGTCATG GCGTGCCTTA TTTATCAATG 1320
 TTAGTTTCAT CAATTGCATT ACTTATAGCA GCCTTGTTAA ACTACATTTT CCCTAATGCA 1380
 ATTCAACTAT TCATATACGT TACAACGTTA tCAACTGTGT TGTTTTTAGT TGTtTGGGCA 1440
 10 ATGAThATTG TCGCTTATCh AATGTATTTG GAAAAAGCAT CCTGAGGCA 1489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 241:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5000 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 241:

TTTTCCATCA TrATcACCAT TTAAGACAAT AGCTGTATGA CCATATCCTC CACCAAATCT 60
 25 TCCACTAAAA ACCACTAAGT CCCCAGGTTC AGCTTTGAAA GTTGGTGTGT TGTGATAAAT 120
 TTTAGCTTCA CTATTAAAAT TATTTGCATA TGGTATATCT TTAGCTCCAT ATCCTTTtAA 180
 TCCAkGACCA TAAAGAkGAT TCCAATATAC ATTAActAAA TCGAAACATT GCCATCCATA 240
 30 ACTACCGTCG AAATCCCATC CTCTATTCTC TAATGTTTTC AAATAATTTA ATGTACTGCT 300
 ATTACTATTA CTTTTATTAT TTGAAGACAC TGTTTTTGGT TTTGGTTCTA CTAATGGTGT 360
 CATTGGCACT TTTAATTTTT GACCAATAAA TATTAAATTA GGATTGCTA TATTATTTGT 420
 35 ATTTTGAATA TTTGAACTG TAGTTTTGTA TTTTAATGCT ATAGCACTAA GTGTGTCTCC 480
 TTTTtTACA GTATAGATTT GTGTTTTTGG AGCTTCTCTA AACTGTAGT AACCAAAGTA 540
 ATTATTAGTA ACTTTATTCG TTTTCTTCTG ATTAGAATTT TGAGCTTCCA AGTTTGCAAT 600
 40 TTTAATTTCT TTAGTAAGTT CATTGTATT AATAACTAGA TTGTTACCTT GGCTTGAGTT 660
 TTTCCGAGTA TTTGAAATCT TTATATCTTG ATTAATTTCA TTTCCGTTTG AAATTGCTGA 720
 TTTGTTGTCT AACTTTAAAC TTGTGTCCGA TGTTTTAAACA GCACCTTCAT TTTTTATTTT 780
 45 GTCTTTTGTC GTATTTTTAT TAGCATTTAA CTCTGATTC GCGAATACAT TTTGCTCATA 840
 CCCTCTTGTA AAATCTTTAG ATTTATCAAT TTCATCTGCA TATGCTTTGT TCGACATACC 900
 50 CAATGCCAAA AACATACCTA TTGAATTTGA CAAAATTCCA ATACTAActT TTCTAATTGA 960
 ATAGCGTACT TTACTTTGTT GTTTATTCAT GATGAAACAC TCCTTACAAT AATATACAAA 1020

EP 0 786 519 A2

GTAGGAGGTA AAATAATTAA CTTGTCTTTC CAAAATATGA AAAGTGTACT AAAaTTCATC 1140
 GCACGACAAA TAGCCCATTT CCGATACTTT TATAAAGTAT GGAaTGGGCT ATAGCCATTT 1200
 5 ATATCATCTT TTAACCTTAT TTATTAAACAG TTAATAATGA TTCATAAATA CCTGCTTCTT 1260
 TAGCAGCTTC AATTAATGTT GAACCAATTT CTGAAGGTGT TGCCGCTGTT TTCACACCAC 1320
 AACTATTTAA TGTTTTAATT TTCTCTTCAG CAGTACCTTT ACCACCTGAA ATGATTGCAC 1380
 10 CAGCATGTCC CATACGTTTT CCAGGAGGTG CTGTTTGTCC ACCGATAAAG CCTACAACCTG 1440
 GTTTTGTCAT ATTCGCTTTA ATCCATTAG CTGCTTCTTC TTCAGCCGTA CCACCGATTT 1500
 CACCAATCAT AACAACTGCT TTCGTTTCGT CATCTTCATT GAATGCTTTT AAAACATCAA 1560
 15 TAAAGTTTGT TCCGTTGACT GGGTCTCCAC CAATACCAAC AGCTGTAGTT TGACCAATAC 1620
 CTTCTTCAGT CAATTGGTGC ACTGCTTCAT ATGTTAATGT ACCTGAACGA GATACTACAC 1680
 CAACATGACC TTTTTTGTGA ATATAGCCAG GCATAATACC AATTTTACAT TCATCTGCTG 1740
 20 TAATCACACC TGGACAGTTC GGACCAACTA AACGTGTTTT TCTACCTTGT AAGTAGCGTT 1800
 TAACCTTAAC CATGTCTAAT ACAGGAATAT GTTCAGTGAT ACAAATAACC ATATCTAAGT 1860
 CTGCATCAGC TGCTTCTAAA ATTGAGTCTG CAGCAAATGG TGCTGGAACG TAAATGACTG 1920
 AAACCGTTGC CCCAGTTTCA TTTTTAGCTT CTTCAACAGT GTTGAAAACA GGAACGCCTT 1980
 CAACAACCTG ACCACCTTTA CCAGGCGTCA CACCTGCTAC TATTTTCGTA CCATAATCAA 2040
 30 GCATTTGTTT TGTATGGAAA AGGGCAGTAG ACCCTGTAAT ACCTTGTAAC ATTACTTTAG 2100
 TATTCTTATC TATAAATACA CTCATCTTAG TGCTCCCATC CTTTCCTTAT GCTTCTTTGA 2160
 CTAGTTTAAC AATTTTTTGT GCACCTTCAG CCATTGTTGC TGCTGGTTCA ATTGCTAATC 2220
 35 CTGAGTCTTT TAAGATTTTT TTACCTAACT CAACATTGT ACCTTCTAGG CGTACAACCTA 2280
 GTGGTAAAGT TAAATCTACT TCTTTTACAG CTTCAACGAT ACCTTCTGCG ATAACATCAC 2340
 ATTCATAAT GCCACCGAAA ATGTTTACAA AAATACCTTT AACATTTTCA TCACCTAAAA 2400
 40 TGATTTTAAA TGCTTCAGTT ACTTTTTCTC TAGTAGCGCT TCGCCTGCA TCTAAGAAAT 2460
 TGGCTGGGTT TCCACCGAAA TGATTAATCG TATCCATTGT TGCCATGGCT AAACCTGCAC 2520
 CATTAACCAT ACATCCGATG TCACCATCTA ATGCAATGTA TGATAAATCA TGTTTAGACG 2580
 45 CTTCAATCTC TTTCGGATCT TCTTCTTCTA AATCAGTAA TTCTACAACA TCTTTATGTC 2640
 TGAATAATGC ATTATCATCA AAATTAATTT TAGCATCTAA TGCCAATACA TCACCATCAG 2700
 50 CTGTTGTAAC TAATGGGTTG ATTTCTACGA TTGAACAATC TTTTCAATG AATACATTAT 2760
 AAAGTGCTAA TAAGAATTTA GCAGCTTGT TAACAGATTC TTTAGGAATA TTAATATTAA 2820

55

EP 0 786 519 A2

	AGATCTTTTC AGGAGTCTTC GCAGCAACTT CTTCAATCTC AGTGCCCCCT TCTTCAGACG	2940
	CCATCAATGT TACTTGGTCA GTCGCACGAT CAATAACGAA TCCAACGTAA TATTCTTTTT	3000
5	GAATAGCACA ACCTTCTTCG ATATATAAAC GCTTAATTC TTTACCTTCT GGACCAGTTT	3060
	GATGTGTCAC CAAAGTTTTC CCTAATAATT CTTTTGCATA TGTTCCTACC TCAGATAAAG	3120
	ATTTAGCAAT TTTTACTCCG CCTGCTTTAC CTCTACCTCC AGCATGAATT TGTGCTTTTA	3180
10	CAACATAAAC ATCAGAATTT AATTCTTTTG CTTTCTCCAC CGCTTCTTCA GCAGTAAATG	3240
	CTACTCGTCC TTCTGGAAGT GCAACGCCCA TTGAACGAAA TATTTCTTTA CCTTGATACT	3300
	CGTGGATATT CATCTTCCAT CCTCCTGTTA CTTAGGTAA GTTCCCTTAC AATTATAAAA	3360
15	AATGTAAGCG CTATTGTAA CTTAATGCT ACTTTTTTAT CATTTAATTG AATTTTACGA	3420
	TTTACAGTAA CGATTTTATA GGTTCAAAGC TTTTCTATG CTCTTTCATA ATGCCAATAT	3480
20	CATCGATTGC TAGTAAATGT TGTTTGGTAC CGTAACCCGC GTTTTTTTC AACCATATT	3540
	CAGGATAATC TTTAGATAAC TGTGTCATAT AATCATCAG AAAAACCTTT GCCATGATAC	3600
	TTGCAGCTGC AATGGACACA CTTCTTGCA CACCCTTGAT TAAAGATACT TGAGGCAGTG	3660
25	CATTATCAAG CGTCATCGCG TCTATCAATA AATGCGTTGG TTGTACTGAT AATCCATCAA	3720
	TAGCTCGCTG CATGGCGATT TGAGTAGCTT TATAAATATT AAATTCATCT ATTTCTTnCA	3780
	GtGTCGCGAT CCCATATGCA AAAGCAGTAA CTTCATTTTT TAGTGCTTCA TTTAATTCTA	3840
30	GACGTTTCGT AACAGGTACT TTTTTCGAGT CATCAAGGCC CAAATAATTG TGATTTGAAT	3900
	TTAAATTTGT TGCGCATGCA ACGACTGGAC CTGCTAAAGG TCCTCTTCCA ACTTCATCAA	3960
	TCCCACAAAT AATAGCATTG GGATGCTCTT TTAATATTTT ATTTTCAAAG TAAGTCATTT	4020
35	CAACATACTT TTCTTTTAAA GCTTGTTCTT TTTCTAACGC TTTTCTGCGC CTAGCTATGG	4080
	CATTTTGAAC ACCTTTTCGC TCATCTAAAA AGCATTCATG ATTTTCTAAT TCTTCTATTG	4140
	TATTAACCGC ATTAATCAAC TGCCTAACTT CTTTAATTGT TAGCGTCATT TGCTAATTCC	4200
40	TCAGTCATAT CTTTAAAAAT ATCAAAACAA TAATTTCTTA TTTTAGCATT TCGAATATCA	4260
	TAAATAATCA GTTCAATGAC TGCTTCGTAA TCAATTTTCA TACCACGTCG AATTAAGCCC	4320
	ACGTTTTTTT CCTATCGCAT CAAACCACGC TATGATTTCT GCATCTTCAG GAACTTCAAT	4380
45	ATTATAATGT GACTTTAATC GCGCTAAATC ATTTTGAATT AAAAAGTTTA ATCCATAGAT	4440
	GGCAACTTCA TCTAAGTGCA CAATACTATC TTTTATCGCA CCAGTTAAAC TCAACTTCTT	4500
50	ACCGACTTCT TCATCTTCAA ATTTAGGCCA AAGTATCCCT GGTGTGTCTA ATAGTTGTAA	4560
	TGCATTACCA ACTTTAATCC ATTGTGTGTG TTTGGTCACA CCTGGTTTAT TACCAGTCTG	4620

55

AACGATCATT GCTCTTATCG CTCTAGGTTT AAGTCCTTTC GCTTTTTTCGC GTTCAAATTT 4740
 TTCAGCAGTC GCCTTAATTG CTGCAGCTTC CACTTTCTTT AAATTTTAC CGTGCTTAGC 4800
 5 ATCCACTGAT ACAGGATAgT AtCCTTTATC AATAAAAAAT tGTTCCCATTT TTGACATCTC 4860
 ATTTAAATTA GACATATCTT TTTTATTTAA TATAACAACA CGTGGTTTTT GGTAAATAAC 4920
 TTCATCTATC ATAGGGTTTC TTGAACTATA TGGAATTCTT GCATCTACTA GTTCAAACAC 4980
 10 TACATCTACT TTTTTTAATT 5000

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 242:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 1700 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 242:

AACCCGnAGA CGAAACTnCA TAGTTGCCTG TTATGTTGAT TAGTGCCTTT GTAGCTATTT 60
 25 dAAATCAAAC ATTATTAAT ACAGCGTTAc CTAGTATAAT GAGAGAATTA AATATCAATG 120
 AAAGTACATC GCAATGGCTA GTTACTGGGT TTATGCTTGT TAATGGCGTC ATGATACCTC 180
 TGACGGCATA TCTAATGGAT AGAATTAAAA CTAGACCTTT ATACTTAGCG GCGATGGGGA 240
 30 CATTTTTATT AGGTTCTATT GTTGAGCCT TAGCTCCGAA TTTTGGAGTT TTAATGTTAG 300
 CTCGTGTAAT TCAAGCGATG GGTGCAGCG TACTTATGCC CTTAATGCAA TTTACGTTAT 360
 TTACATTGTT CAGTAAAGAA CATCGAGGTY TtGCAATGGG ACTAGCAGGT TTAGTAATTC 420
 35 AATTTCACC AGCAATAGGA CCTACAGTTA CAGGATTAAAT TATTGATCAA GCGAGTTGGC 480
 GAGTfCCATT TATTATAATT GTAGGAATTG CTATACTTGC CTTTGTTTTT GGTTCGTTT 540
 CAATCTCGAG TTACAATGAA GTGAAATATA CGAAATTAGA TAAGCGTTCA GTAATGTATT 600
 40 CAACTATTGG GTTCGGGTTA ATGCTATACG CATTTAGTAG TGCAGGAGAT TTAGGATTTA 660
 CAAGTCCAAT AGTAATAGGT GCGTTGATAT TAAGTATGGT TATTATCTAT TTATTTATAC 720
 GTAGACAATT TAATATTACT AATGCACTTT TAAATTTAAG GGTTTTTTAAA AATAGAACAT 780
 45 TTGCATTATG TACGATTAGT TCAATGATTA TAATGATGTC AATGGTTGGA CCTGCGCTGC 840
 TTATACCGCT ATATGTTCAA AACAGTTTAT CTTTATCTGC CTTGTTATCA GGAATTGTTA 900
 50 TCATCGCTGG TGCAATAATA AATGGTATTA TGTCAGTTTT TACAGGTAAA TTTTATGATA 960
 AGTATGGTCC TAGACCATTG ATTTATACTG GTTTTACAAT TTTAACAATT ACTACAATTA 1020

55

EP 0 786 519 A2

GAATGTTTTTC AGTTTCTTTA CTCATGATGC CGATAAATAC TACAGGAATT AATTCTTTGA 1140
 GAAATGAAGA AATCTCACAT GGCACGGCTA TTATGAACTT TGGTCGTGTA ATGGCTGGTT 1200
 5 CACTAGGCAC AGCTTTAATG GTTACATTAA TGAGTTTGG TGCAAAAATA TTTTATCTA 1260
 CATCGCCATC GCATTTAACT GCAACTGAAA TTAAACAGCA ATCCATTGCT ATAGGGGTGG 1320
 ATATCTCATT TGCTTTTGTA GCTGTGCTTG TTATGGCAGC TTATGTGATA GCACTTTTTA 1380
 10 TAAGAGAACC TAAAGAAATA GAAAGTAATA GAAGGAAATT TTAAATAAT TATAGTAGTT 1440
 GGTCTATTTA AAATAATAGG CTAAGTCTT TTTTATTTA ATAAAAAGTT TTATACTTTT 1500
 AGTGATAGAC TAAGCAAAAA TTGTTATTTG CTATGATGTA GATGTCTTAA AATGATTAAG 1560
 15 GGGGATTTGC TTTGTTAACG GTAGATCAAG TGAAAGAATT GGTAGGAGAA ATTAAGATC 1620
 CTATTATAGA TGTGCCTTTA AAAGAAACAG AAGGTATTGT TGAnGTTTCT ATTAAGGGAG 1680
 20 AAnAAGAACA TGTGAGTGTT 1700

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 243:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 10146 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 243:

30 TGCATCAACT TTCAAACAAT AAATCATCAC AATAACCACA CCTAATTCAA CACTTTTCAA 60
 ACATAAGTAT TGACACATTG AGCAAAATGA TTTTAAATTG TAACTAATAC AGTTACAATT 120
 35 ATGAGGTGAG AAACATTGAA TTTAGAATTT AACATTGCCG TGCATGTATT AGCTTTTTTA 180
 ACTAAGCATC aTTCAGAAAA ATTCAATAGT AGTTCATTAG CAGAAaTTAaC TTGTTTAAAT 240
 40 CCTGTTCAAT TACGACGCGT GACGACTCAA CTTGTGCGATT TAAAAATGAT TGACACAATA 300
 CGAGGTAAAG ATGGCGGTTA TTTAGCAAAT GATCAAAGTG CTGATGTCTC TCTAGCAACA 360
 TTATaTAAAC ATTTTGTCTT AGAGAAAGAA CACCACACAC GTCTATTTAC TGGCGACGAA 420
 45 GGCAGTCACT GTCAAATTGC TCGTAATATT GCAACTACCA TGTCACATTA TCAGCAAGAC 480
 GAACAGAATA TCATTATTAA TTTTATAAT GGAAAAACAA TCAAAGATGT CATTGAAGAC 540
 ATTCAAAGG AGGATTTATG TCATGAAAAC ATATGATTTA ATTGTAATAG GATTTGGGAA 600
 50 AGCTGGTAAa ACTTTAGCGA AATACGCTGC ATCAACAGGT CAACACGTCG CAGTTATCGA 660
 ACAATCTCCG AAAATGTATG GAGGCACTTG TATAACATA GGATGTATAC CTTCGAAGAC 720

55

	TGTTGTCAAT GCGCTAAACA ATAAAAATTA CCACTTATTA GCAGACGATA ACAACATTGA	840
	TGTACTGGAT TTTAAAGCGC AGTTTAAATC TAATACTGAA GTGAATTTAT TAGATCAACA	900
5	TGACGATATC GTCGATAGTA TTAAGTGCACC TCATATCATT ATTAATACCG GTGCTACCTC	960
	TGTCATTCCCT AACATTAAAG GCCTTGATCA AGCTAAACAC GTCTTCGATT CGACAGGTTT	1020
10	ATTAAACATT AGCTATCAAC CTAAGCACCT CGTTATTGTA GGTGGCGGTT ATATCGCCTT	1080
	AGAATTTGCT TCAATGTTTG CGAATTTAGG TAGTAAGGTA ACAGTATTAG AACGTGGCGA	1140
	ATCATTATG CCACGCGAAG ATCAAGATGT CGTTGCATAT GGTATTACTG ACTTAGAAAA	1200
15	TAAAGGCATT GCATTGCATA CAAATGTTGA AACGACTGAA TTGTCATCTG ACAATCATCA	1260
	TACAACAGTC CATACCAACG TTGGTAACTT TGAGGCTGAT GCAGTACTTT TGGCTATCGG	1320
	GCGCAAACCG AATACGGATT TAGCTTTAGA AAATACTGAT ATCGAATTAG GCGACAGAGG	1380
20	CGAAATTAATA GTCAATGCTC ATCTTCAAAC AACTGTGCCG CATATTTATG CTGCAGGTGA	1440
	TGTTAAAGGC GGACTTCAAT TTACGTATAT ATCTTTAGAT GATTATCGAA TTATCAAATC	1500
	AGCGTTATAT GGTAATCAGT CACGTACGAC TGACAATAGA GGCAGCGTGC CTTATACAGT	1560
25	ATTTATAGAT CCACCATTAT CACGTGTTGG ATTAAGTAGT AAAGAAGCTG CCGCTCAACA	1620
	TTATGATTAC ACTGAACATC AACTTTTAGT AAGTGCTATA CCTCGTCATA AAATTAACAA	1680
	TGATCCAAGA GGTTTATTTA AAGTAGTCAT TAATAATGAA AATAATATGA TTTTAGGTGC	1740
30	TACATTATAT GGTAAGCAAT CTGAAGAAAT AATTAATATA ATTAACTTG CGATTGATCA	1800
	AAACATTCCA TATACCGTAT TACGAGATAA TATTTATACG CATCCTACGA TGGCCGAATC	1860
	ATTTAATGAT TTATTTAATT TCTAGACAAA ACATAAAAAC CTGGTGGCAC GCATTGAATG	1920
35	ATGCTGCCAT CAGGCTTTAT TGTTGTGCTT TTCGCTTTTC TAATTTTCTT TTAAGCTTTC	1980
	TATCTTGTTC TTCTTTACGA CGTTTACGTT CTTCATGTCG TTTTCTTAAA CGCTCTTCTT	2040
40	CTTCAGGATC ACGTGGTTTC TTTAATTGTT GAGAACTTT TTCGATTAAT TCTTCTTCAG	2100
	TAAGCGCagc CAGTGGGCGG TTATTAACAA AAGTGAATGT TTTTCGGCGT CCAGGTCCAC	2160
	AATAAGATTG ACAACCTATC ACGATTTCAG CATCGGGATC TAATTTTCC AACTTCTTTT	2220
45	GTAACGTTCT TATATTGACT GCCTGACATT CATCACAAAT AAGGAATGTA TTTTTCATAT	2280
	TGCTACCCAC CTTTCTTTAT CATATCTATA TCGTCGATTT CATTAAATTTT TTCGTAACT	2340
	CTATCTATTT TACTCTTTTT AATATTTTTT TCAAGATACG TAACACGGCT GaCAATAAAA	2400
50	AATGGAGCAT TTATCTTCTA ATTAAATTAG ATGaTTGCTC CCCTATCAAA TCATTTATTG	2460
	CCCATGATAA ATATTAAATT TTAATGGTTT AATACCATGT TTTGTCCATT CATCATAAAT	2520

55

EP 0 786 519 A2

	TGATGTTTTA	GATGCGCCGT	GATACTTTTC	AGCAATATCA	CACAAATATT	TTAGCTTTTC	2640
	AGTTTCTATA	TCAACTGTAG	CTTCTTTATC	CATACGTTGA	ATAATTGTAC	GATTCTGACG	2700
5	CACCATCTTT	TGCACACCTT	TAATGTTATT	TGTTTTAAAA	GCATGAATAA	GTTTTTCAAC	2760
	ACAACGATGT	GAATCTTCTA	AGAAGTCACC	GTAAAATGAA	GGATCTGATT	TCAAACGTTT	2820
	CACTTCGCTA	ACAAAGTGTG	GTGATGACGC	CGGTGAGCCA	GTCCAACCGA	TAAGTACTTC	2880
10	CATATTTTCA	GGTGCTTGTA	ATGGTTCGAT	GTGCAATCCA	GGCCAGTTTT	TGATTAAAAC	2940
	TTCTTCAACC	GTAATATCTT	CAATTTGATG	CTTAACCCAT	TCATGATCAA	AAGTACTATA	3000
	CGTAGCCAT	CCACTATATA	CACTCACAGC	AATATCTCCG	CATGAACCTA	AACTTTGTAA	3060
15	CTTCATATTT	GCAATCACTG	CTAGTTTATA	AATGTATAAA	TTAGATAACT	TCATATCATA	3120
	AAATTCATTT	AATACTTTTA	TAACTGACAC	AAGTACTGCT	GCACTTGAAC	CTAATCCATA	3180
	TTTATGACCA	TTTGAATCAT	CTAAATTACT	ATCAATAGTC	AGATGAAAAT	GCTTCATCGC	3240
20	TATATCGCAA	CTTTTCGCGT	ATTGTTCAAA	TATTTCAATA	GCTGTGACCA	CATAATTTAA	3300
	TTGTTTTGCT	GcATGTGGAT	CTGAAATGAC	AATACTATCT	TCATCTCTAC	TAAATGTAAC	3360
25	TGGGTATGA	TGTAATGCTT	TTGAATGAAT	GGTACCTTTA	TATTGGTCTG	CTTCTTCAAT	3420
	AGTAGCAGTT	ACAAAACGAT	CTAACGCAAT	AAGTACAGAT	TTATATCCTG	GTTCTGTTAC	3480
	AGCATATTCT	CCAGCAATAT	AAAGTTTTC	GGGTGCTTTG	ACCTGAATCA	TTTTATCTCT	3540
30	TCCTTACTCA	ATTATTTCAA	TTCCTGTGGC	AATAATGTCA	CTATCAATAA	TTTGGTTATT	3600
	ATCAAACGTG	GTTAATAAAT	TATCTATAAT	CTGTTGCTTG	TTTTTCTTTT	CTACAAGTAT	3660
	TTTCACATTA	GGTCCCGCAT	CCATTGTAAA	ATAACACGGA	TACCCCGCTT	CTCGGCATTC	3720
35	GTGAACAAGC	GCCATGACAT	CATAACTTTC	TTGCACAAGA	TATGTGAACG	GCGGTGTTGA	3780
	TCCTAGATTC	GTGGCATGCA	TACGCAAACC	ATTTTCTTCA	ATTACTTCAC	CAAGGCGTTT	3840
	AAAATCTTTG	TCTTGAATCG	CTGCTTTTGC	TTCAGCTAAA	TCTTCATCAA	TATGATCTAA	3900
40	CCAATATTGA	TAAAACCTTG	ATGTGTTTCG	TGTCAATGAC	ATACCATATC	GACTAGGTAC	3960
	CTTTTTAGAA	TGTTGATTAA	TCACAACAAA	TATCATGGCA	AGGTCATCTT	CAAAATGATT	4020
	CGATTCAAGT	GGAACGGCAT	ATGACGTCTC	ATCACTATAC	CCTTTTTCCC	ATTCTGCAAA	4080
45	TCCACCATAA	ATACTACGCG	ACGCAGAACC	CGAACCAATT	CGCGCCAATC	TCGATAAATC	4140
	CTTATCTGAC	AGCTGCATGT	CTAGCGCTTG	ATTACAAGCT	GCTGCTAAAG	CTGCATATGC	4200
50	GCTTGCCGAT	GAAGCCAACC	CTGCTGCTGT	TGGTACAAAA	TTGTCGCTTT	CAATTTCTGC	4260
	ATACCAATCG	ATGCCAGCTC	TATTTCTGAC	AATATCCATA	TATTTTGAAA	TTTTCTCTAA	4320

55

EP 0 786 519 A2

	AAAAGTGA	CTTTCAG	TGTAAATT	TTCTAATG	TAACATAT	GC TATTAT	TCAT	4440	
	TGGAATGA	TTCAT	CTTTTACC	CCAATATTT	ATAAGTG	CAA TATTCG	TATG	4500	
5	TGCACGTG	CTT	TAATCAAC	GC ATTAAC	CTC TAAATT	CTCA ATCCA	AGTAT	4560	
	GTGCTGCA	CC	AGCTTTT	CAATATTTT	CGCTGTT	GGT AAATCT	TTGG	4620	
	CAAGCAATA	A	CATACTT	CCAACGACC	AG CGCCAG	TAAG TTTTCC	AGCA ATCGC	ACCAT	4680
10	TTTCTTACC	AATTTTC	ATTGTTCT	ATTTATCAT	G ACTAACT	GTC AACGC	CTTTA	4740	
	AATCCGCAT	G	ACATTCAT	TAAAATAT	CCG CTAAGG	CTT AAAGTT	TATGA TGTTC	AAATCA	4800
	CATCACTCG	C	ACGTAAAA	CT AACTTAC	CGA TATGTT	TAC ATGTG	ACATG TACTG	AGGGT	4860
15	CCTCACAAG	T	TTATGAAC	ATCTTCTAC	TG CTTGCT	TGT TGAAC	CTTTC ACACC	AGTAT	4920
	CTATAACA	AC	CATATAG	CCG TCTAAAC	TTA ACGTTT	CAA CGTTTC	AGCA TGAC	CTTTT	4980
20	GGAACCAA	AC	TGGTTTGC	CT GATACA	ATCG TTTG	CGTATC AATACC	ACTT GGTTT	ACCAT	5040
	GTGCAATTT	G	CTCTGCC	CAA TTAGC	CTTTT CAATG	AGTTC TTCTTT	CGTT AATGA	TTTC	5100
	CTAAAAAT	C	ATAACTTG	CA CGAACA	AAAG CAACCG	CAGAC AGCTG	CACTC GATC	CCTAAT	5160
25	CACGTGAT	G	TGGTAAAT	TC GTTTGG	ATCG TTAG	CTAG CGGCT	CTGTA ATATT	ATTTA	5220
	ATTCTACAA	A	ACGGTTC	ACC AAAGAC	TAA GATGGT	CAGG CGCAT	CATAT AACAT	ACCAT	5280
	CGTAAACAT	C	GCTTTTA	ATA GACGA	ATAGT TCCCG	CTCT TAAGG	CTTCT ATTTAA	AACTT	5340
30	TGATTTTACC	TGCGTTAA	AC GGTACT	GCAA TAGC	AGGCTC TCCAA	ATGTA ACAGC	ATGTT	5400	
	CTCCTATTAA	AATAATCT	TAA CCTGT	CGATT CCCCA	TATCC TTTCT	TGTC ATGT	CAATAT	5460	
	CACCTTTTAT	ATTTATCCT	A TACTTG	ATTC ATTTT	TTA TTTATT	AGTA AAAG	ACATCA	5520	
35	TATTCTAAGT	TGCA	ngCAT	TCGCGTT	AAA TTTCAT	TGCA GTCTTT	ATCT CACAT	TATTC	5580
	ATATTATGTA	TAATCTTT	TAT TTTGA	ATTTA TATTT	GACTT AACTT	GATTA GTATA	AAACT	5640	
	AACTTTCGTT	TACTTCAA	AG TTTAA	ATCTT ATCG	AGTGAT ATTT	CAGATT CTTT	ATCTTT	5700	
40	TTATAAAATA	GCCCTACA	AT TTATA	ATTTT CCACC	CTAAC TATA	ATACTA CAAATA	ATAA	5760	
	TTGGAATATA	TAGATTTACT	ACTAAAG	TAT TAGAAC	ATTT CAATAG	AAG TCGTTT	CTTT	5820	
45	CATAGTCATA	CGCATTAT	AT ATACC	CTATT CTCA	ATCTAT TTAAT	ACGTA AAAC	ATGAAA	5880	
	TTTTCTTATT	AAATTTAT	TAT TTTCC	ATCAT ATCATT	ACTT TTAAT	TAAAT GATGT	TCAAT	5940	
	TTAAATATTA	GGTCAATA	AC ATATTT	ATGC TTTTAT	GGA TACTTT	CAA AATA	ACAGCC	6000	
50	CCAAACGATA	ACTTGAAAG	G GGCTGT	TAAA TATTTA	ACTA TTGC	ATTTGA TCTAT	CATTT	6060	
	TCTTGTCT	TTCAATCAT	T TATCAAA	AT ACGTAT	CGTA TCTTT	GCCAT TCTT	CTTGAG	6120	
55									

EP 0 786 519 A2

	TTACATCTTG AACAGTAATC GTTTGTGTTAA GCAATGTCTC TAATGAGGCC ATACAAGATG	6240
	GTTCAATTTT AGGATATTTA AATTTAGTCA CTTACCTTTT TAAAGCATGT TCATAAAATG	6300
5	TTTGCATCAT CAATGCACGT TCTGAACCAG AGCCTTCAAC ACAAAGATAA ATTTGTACAG	6360
	CAATACCGCC TCTAACTCTT CGTTGCGATA TGCCTGCAAA TTTCTTACCA TCGATACTTA	6420
	AGTCAAATTT TCCTGGGCAA TAAGAATGTT CAATTTCCAT CGTATCAATA TCAACATTCT	6480
10	CATTTTCGAA CATTTTGCTA ATTAAGAGGT ACATCACAGT AAACGCTTCA TCAATCGTTG	6540
	TTTCTGTTTG TCCTTTGAAC ATCAGCGATA TATTTAATAC ACCTTGATCT AGAACGACAC	6600
	CTAAGCCACC AGAATTTCTA ACAATGGCAT TATAACCAAT CTCATTCTGTT AAATAATCAA	6660
15	TGCCATCTTT TAAAAACGGC AATCTTGAAT CATGAATACC AAGAATAACA GTATGTTGAT	6720
	GAATCCAAGT ACGCACACA TTATCTGATA TATCTTGGC CACACTTTCG CAAAATGTAT	6780
20	CATCGAATGC GAAAGATTGC ATAGGTTCTA ATCCAGAAGA ATGATCGATA TATCGCCAGT	6840
	TGACGCCATT AAAATATTTA CTCGCTAAAT CCATCGTTAT TGTAAGGCTT GCGCTGCTGT	6900
	AATAATTGAA AGATTGTATA CATCTTCAAT TGAGCAGCCA CGTGATAAGT CATTTACTGG	6960
25	AGAATTTAAA CCTTGTAATA CTGGACCAAC TGCATCATAT CCACCTAAAC GTTGTGCAAT	7020
	TTTGTAACCA ATATTACCAG CTTCTAACT TGGGAATACA AAGACATTTG CATCACCTTG	7080
	TAATTTAGCA CCTGGCGCTT TTTTCTCAGC AACACCTGGT ACAATCGCAG CATCAAATTG	7140
30	GAATTCGCCA TCAATGATTG CTTCTAATTT TtCTTCTTCA GCTTTTtGTT GTGCTAATTT	7200
	GACAGCTTCT TGAACTTTGT TCACGTCGTC TGATTTAGCA GACCCTTTTG TTGAAAAGCT	7260
	TAACATTGCA ACTTTTGGAT CCATGCCAAA GCTTAATGCT GATTTTGCAC TTTCTACTGC	7320
35	AATTTCTGCA AGTCCTTGTG AATCAAGTTC TGGATTGATT GCACAATCAC CAAAGATGTA	7380
	TTGTTTCATCA CCTTTAATCA TAAAGAAGAT ACCTGATGTT CTTGATACAC CTGGTTTCGT	7440
	TTTGATGATT TGTAAGCTG GACGCACAGT GTCGCTGTT GAATGTGCTG CACCCTAAC	7500
40	TAAACCATCT GCTTTACCAG CATAACAAG CATTTGACCG AAGTAGTTCA CATTGTTTAA	7560
	TAATCTTGT GCTTGTCTT CAGTCGCTTT ACCTTTACGT CGTTCAACAA ATGATTGAAC	7620
	TAATTCAGCT TTCAATTCAC TTGTCGCAGG ATTAATTAAT TCAATATTAG AAATATCAAG	7680
45	ATCAAGTTTT TGCGCTAAAG ATTGAACCTT AGTCTCATCA CCTAACACGA TTGGTGTAAC	7740
	ATAATCTGTT GCTTGTAATT GTGTTGCAGC TGTTAGAACA CGTTCGTCCT CTCCTTCAGG	7800
50	TAATACGATT TTAACGTTTT TACCAGAAAG TTTGTCTTTT AATACATTTA ATAAATCAGC	7860
	CATAATGTCC TCCTGTAATA TAAATCTTAT TAATCATTCA CGGTATAATT ATACGCCATT	7920

55

EP 0 786 519 A2

TATGATAAAA TTTATAAAGA ACTGATGATT TTTGAAAAGG AGCGATAAAC ATGAGTCAAG 8040
 CAGCCGAAAC ATTAGATGGT TGGTATAGTC TACATTATT TTATGCAGTT GATTGGGCAT 8100
 5 CATTACGTAT AGTTCCAAAG GACGAACGCG ATGCACTTGT CACTGAATTT CAATCATTTT 8160
 TAGAAAATAC AGCAACTGTA AGATCATCAA AATCTGGTGA TCAAGCTATT TATAATATAA 8220
 CTGGTCAAAA AGCAGATTTG TTATTATGGT TCTTACGTCC TGAAATGAAG TCTTTAAATC 8280
 10 ATATTGAAAA TGAATTTAAC AAATTGCGCA TTGCTGACTT CCTAATCCCT ACATATTTCAT 8340
 ATGTATCAGT CATTGAATTG AGCAATTATT TAGCTGGTAA ATCTGATGAA GATCCTTATG 8400
 AGAACCCCTCA TATCAAAGCA AGATTATACC CAGAATTACC ACATTCTGAT TATATTTGTT 8460
 15 TCTATCCAAT GAACAAACGT CGTAATGAAA CTTATAACTG GTACATGTTA ACTATGGAAG 8520
 AACGCCAAAA ATTAATGTAT GACCATGGTA TGATTGGTAG AAAATATGCT GGCAAAATCA 8580
 AACAATTTAT TACTGGTTCT GTAGGGTTTG ATGATTTGGA ATGGGGCGTA ACATTGTTCT 8640
 20 CAGATGACGT ATTACAATTC AAAAAAATTG TATACGAAAT GCGCTTTGAT GAAACAACAG 8700
 CACGATACGG TGAATTCGGT AGTTTCTTTG TAGGACATAT TATTAACACA AACGAATTCTG 8760
 ATCAATTCTT TGCGATTTCT TAATACATTG GTACGTTTAT AAATTAATAA AAAAATTCCA 8820
 25 AGCTTATCGG TTTAAGCTTG GAATTTTTCG TTTATCTTCA GTATATTCCC GTATACATAA 8880
 GACGTGATTT GGTAATAGT TGAAATCTGT ATGTTTAAAC TTATATATAT GTGCTAATGT 8940
 30 ATTATCAATA ACAAAGtACA CTTTGCTCAT AGCAAgTsac CCGAgTAGTC TTCCTTGGGA 9000
 GAACTTTAAC TACTATCACT ACATATAAAC GTTAACCTCA ATAGAAATTA TACAGTCGCT 9060
 ACTCTATACA ATTTTGTAA TGGTTAACTA ATATTATTTT AACCTATTTG AAATATTTGA 9120
 35 AACATATTTT TGTCGAATTT TTTTCAATAA TTTTTCCTTT TTATACCTCA AGAGAATTTT 9180
 AACTACTAAA AATTCGGATG ATTATTATTA CAATAGTATC AAATATTAGT TTTTAAAAT 9240
 CAATAACAAC TTATCAAAAA GCTCATGTGG TTATTTTATA GTGTATAAAC TATAATGAGT 9300
 40 ATTAAATTCT TATAACAAT GGTGATGAAA TGGACATAAA TTCAGAAGAA TACAAACAAG 9360
 AGGTACTTAT CAAAGACGTT GTCATGCTTG CTGCTCGCAT ACTATTAGAA TCTGGTGCAG 9420
 AAGGTACGCG TGTAAGAT ACCATGACAC GTATTGCAAA AAAACTTGGT TACAGTGAAA 9480
 45 GTAACAGCTT GTTACAAAC ACTGTCATCC AGTTTACGTT ACATTCGGAA TCGTTTCCTA 9540
 GAATATTTAG AATTACCTCT CGAGATACAA ACTTAATAAA AATTTCTCAA GCTAATAAAA 9600
 50 TTTTCGCTCA AATTACAAAC AATGAAATTT CTTTAGCCGA AGCAAAAACG CAACTTGAAA 9660
 AAATATATGT TGCTAAGCGT GACAGCAGTC TTCCCTTTAA AGGTTTTGCT GCAGCAATGA 9720

55

TAGCAGGTAG TCTAGGATAC CTAGTCACTG AGATTTTAGA TCGTAAGTWA CACGCACAGT 9840
 TTATCCCAGA ATTCaTTGGT TCaTTAGTTA tTGGGATTAT CGCCGTTATT GGACATACAC 9900
 5 TTATTCCAAC AGGTGACTTG GCAACTATTA TCATTGCGGC AGTCATGCCT ATTGTTCTGT 9960
 GTGTATTAAT AACAAACGCA ATACAAGATT TATTGGTGG ACACATGTTG ATGTTACAA 10020
 CGAAATCATT AGAAGCATTG GTTThGCGTT TGGCATCGGT GCTGGCGTTG GTAGCGTATT 10080
 10 AATTTTAGTA TAGGAGTATC AGACTATGTT TTGGATCTTA AACTTTATCT TTAGCTTTTT 10140
 AGCTTC 10146

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 244:

15

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2022 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 244:

25 ATTTAATTGG TTGGTGGCGT ATTCTCnTTT CCAAGATTTG CCACGATTGG ATGTTGAGTC 60
 GACAAATATG TAACCACTCC CGATAAATTA CGTTCCTCAA TCATTGATAG TATGTCTGGT 120
 GTTTGTAACG ATTTATCGAG TAAGGCATCA AGCAATTGAT AATGTCCCAA TACAACAAAA 180
 30 TGCACGTTGT CTCTCAACTG CTGTTGAATA AACTGAATAA AGAGCTTTAA GCTCTGTTGC 240
 ACATTCGCTA ATGATGGTGC ATAGTTTTCC AAACCAACTT GTACAGCCGC TTCATTATTC 300
 CGAATGATTA AACCTGTGTA TGCCACTTTT GTTGCTGCAG TTGGATACAT TGAGTAATAA 360
 35 CGCAATAATT GATCTGTAAA ATCATTTTGA AGTGATATAA TTTGATGCTC ATGTTGCCAA 420
 AAATTCGCT CACCCATCTG CTgCAAATCC TCATGGTTCA ATTGTTTCCA GTCCAACTTT 480
 TCAACACAC TAAAATCAAC TAACTCATAA TCCGCTTTAT TAAAATATTT TAAAATGCT 540
 40 GTTTCCGATT CTTTAAACGC AATTAATTGT TCTGnATTAT TCACTCGACC ACCCTTTACT 600
 TTCAATACTG TATTTAAAAT CACTTGGTAT TTTGTTGTT TGCTTTACTT CTCTACCACG 660
 CTAAAGTGTA ATATGATTAA TAACTTATCA TTTTtagCAA TACATTACAA CCTTTTTCAG 720
 45 AAAATTCGGT GTATTGATTT TAAAATTTTT TAAAATaAA AAGGCAAGAC ATTGTGCCT 780
 ATAAAAATGC TTAACCAAGA TTTTATATT GaAGTTGTAC TTCTTGACA TATTGTCCTT 840
 50 GCCTTATTAT GTAAAGTTAT TTTCTTCTA TCTTTTATT AAATTTAACT ATTCTTCATA 900
 ATCCCGATTC CCTTTAAAGT AACGTCTATC TTGTTTACTA TATACATTTT CAGGATTAAA 960

55

EP 0 786 519 A2

TTGGTAAACG TTCGTTGCTG ATATATCTGT AAAATTGTTT GGACCGACAC CTGCAATAAA 1080
 CTTAAACTCT GCTTCATCTA CCAAATAATC ATACGCTTGT GTATGTCTAT CCTGTGCGCC 1140
 5 ATGTGGAAAT ACAAACATAT CTGTTTTACC TACAATTGGT TCAACTTCAT CTTTCCATCT 1200
 TTTAGTATCA CGTTTAATAC CTTCTAAAGA TGTTTTTTCA AAATTAATGT GACCATATGA 1260
 ATGACTCGCA AATGACCATC CATCCCGTTT CATTGCGCGA ACAACTTCCT CAGCTGCCTT 1320
 10 TTTATTCTTT GTATAATCTT TACTCGTTAA TTCATTCTGT CGATAACCTA ATACGCCCTC 1380
 ATAACCGGTT AAAGCAACAA CACCTTTTTC ACCATTTAAA GAAAAATCTG GATGCTCTTT 1440
 TACAAATTTA TTTAAATTTG GCACGATATC ATTGTCATCA GAATAAGTAG CATGGCCTTT 1500
 15 TTTGTCTGTA GTTTCAGAAA CAACATGTTT ATTTTATCG AGTACTAAAC GGTCAGCATA 1560
 ACCATGGTGT CTCATGTAAC TATAGTAATT CATATCATCA ATTGAGATGA TTAGTGGCTT 1620
 TTTACCTTTC GGCAATTTTA TTTTTTGGC TTTTACATGA TGAGATGATA AGTCGTATAC 1680
 20 ATCATGTGGA TTAACGATGA TGTAATTATT TTTATATAAT TCGTTCAATG ATTTTTTAAA 1740
 TTCACTTACA GTAATCATCC AATCATTGTT GCCCTTAGCT TGGTGTGTAT CTCCTGTAAA 1800
 25 CGCAACTTTT GGGTCTGTAA TTAATGGGTG ATAAACACA TGATAAACTT GGCCGTGATA 1860
 TGTTCCTCAA TGTTTCATCCA TTTTcGATTT aTGCTTTGCA TACTCATTTG GATTAACAGA 1920
 TTTATTkTGA GCTTTCTCAT TTTGCTTGGA ACAGCTATAT mACAATGCAA CTGATAATAA 1980
 30 CAGAAAAAAT AGCAATAAAT ATTTTTTATG CATTAAACAT TC 2022

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 245:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 35 (A) LENGTH: 1340 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 245:

ATAGAGTGAT AAAGGATGGT TGTCATATGA TAAATGCAGT AGTAATAGCA GTAATTTTAA 60
 45 TGATTGTGCT ATGTTTATGT CGATTAAACG ThTTATTAAG CTTATTTATC AGTGCGCTAG 120
 TTGGTGGCTT AATTTcAGGC ATGAGCATTG AAAAAGTTAT AAATGTATTT GGGAAAAATA 180
 TAGTCGATGG TGCTGAGGTA GCATTAAGCT ATGCTTTATT AGGTGGATTT GCAGCATTA 240
 50 TTTCATACAG TGGTATCACA GACTATTTAG TAGGAAAAAT TATAAATGCA ATTACGCTG 300
 AAAATAGTCG ATGGTCAAGA GTTAAAGTCA AAGTGACAAT AATCATTGCA TTATTAGCTA 360

55

CACCATTGTT AAGTCTGTTT AATGACTTAA AAATAGATAG ACGTTTAAATC GGTTTGATTA 480
 TCGGTTTTGG TTTATGTTTC CCGTATGTGT TATTACCATA TGGATTCGGT CAAATTTTCC 540
 5 AGCAAATTAT TCAAAGTGGC TTTGCAAAGG CAAATCACCC AATTGAGTTT AATATGATTT 600
 GGAAAGCAAT GCTTATTCCT TCAATGGGGT ATATTGTTGG CTTACTTATC GGTTTATATG 660
 TATATCGTAA ACCACGTGAA TATGAAACAC GTAAAATTTT AGATAGTGAC AATGTTACAG 720
 10 AGTTAAAACC ATATATCTTA ATAGTAACAA TTGTAGCAAT ACTAGCTACA TTTTGTAGTAC 780
 AAACATTTAC AGATTCAATG ATTTTTGGTG CACTGGCAGG GGTACTCGTA TTCTTTATTT 840
 CACGTGCATA TAATTGGTAT GAATTAGATG CTAAGTTTGT TGAAGGTATT AAAATTATGG 900
 15 CTTATATTGG TGTAGTTATT TTAACAGCAA ATGGATTTGC TGGTGTAATG AATGCTACTG 960
 GTGATATAGA TGAATTAGTT AAAACTTTAA CAAGTATTAC TGGTGATAAT AAATTATTTA 1020
 GCATTATCAT GATGTATGTG ATAGGTTTAA TTGTCACTTT AGGTATTGGA TCATCATTTG 1080
 20 CAACAATTCC TATTATCGCA TCATTATTCA TTCCTTTTGG AGCGTCAATT GGACTAGATA 1140
 CAATGGCATT AATCGCATTG ATTGGAACAG CGAGTGCATT AGGTGACTCA GGTTCGCCTG 1200
 25 CAACTGATTC AACATTAGGA CCAACTGCGG GATTAAATGT TGATGGCCAm CATGATCATA 1260
 TACGTGATAC ATGTGTACCA AACTTCTTGT TTTATAATAT TCCTTTAAAT GATTTTCGGT 1320
 ACTATTGCTG CTATGGTACT 1340

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 246:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3365 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 246:

40 CAAAATCTAA GAGAATAAaA TTTGTTAATT TnAAATAGCA AGCAATTCAA AGTTATATGT 60
 GTAATAGATA AAATAGATAT CCCTATAGTG ATGCGTTACT AGCTAAACAT AATAACACAT 120
 TAGAAGATAA TGAAGTTAAG GAGTTACTGG ATTGTTTCGA CTATGTAAAT AAGTATAAAA 180
 45 ATATCCAACG ACAAACGTA ATTATAAAAT GGTAAGAGCT ATGGTACAGT TTCAAATTGC 240
 TAATGACATG CGTATCGGTG AGCTACTTGC AATAAGAGA GTAAATATAA ACTATGAAGA 300
 50 TAAAACGCTA GATATCGACG GTAAAGTTAA TTGGATAACT GAAAAAAGAC GGGAGCATTC 360
 GGAGTAAAGG AGACAACTGA AAGAAGTAAT AGCTATAAGG CCACAGGGCT CACTACCCAA 420

55

EP 0 786 519 A2

	TATTCACAAA	TACGTCTGGT	AGCCCTATCG	ACTCGAACAA	AATTAGCCAC	ATTATTAAAG	540
	GGGGGCGCTG	ATATTAGTTC	TATTAAGAAA	CCTATAACGA	CGCATACATT	ACATCATTCTG	600
5	CATATATCTA	CACTTGCTCA	ATTAGGAATT	AACCTAAAAG	CAATGCAAGA	GATGTAGGT	660
	CATTTCAGATT	ATAAAArAAA	TCTAGAGATA	TACACACATG	TTACTAATCA	GATGGCGAAA	720
	GATATGATGA	ATAAATTTGA	ACGATTGGGG	AGTTAAAATT	GGAAAAAGAT	GaTACACTAG	780
10	CAGAAATTAA	GCCTATGCTC	AATTTTGATG	AGCAAATAGC	AAAATTAAAA	CAGATGAATA	840
	TATTTTITAA	TATTATTGAC	ACCGAAAAAG	CAAATGAAAT	TCTTAGAAAA	AATAATTACT	900
	TCTTCAAAC	TGcTTIATTT	CGaAAAAATT	TCGrAAAAAA	GaATGGCGGC	TATTTTCATAG	960
15	AATTTGCTTA	TTTATCAGAT	TTAGCAACTA	TAGATATGaA	ATTAAGATAC	ACAATGTTGC	1020
	ATTTAACTTT	AGATATTGAA	CATAGTTTAA	AGTATCTAGT	CTTAAAACTA	ATAACAGAAA	1080
20	ATAACCAAGA	AGATGGTTAT	AAAATAATAG	ATGAGTTCTT	ATGTATTGaT	AAATCATATA	1140
	GCAATTCAAA	TTTGACACA	AATTCAAGAA	CACCAGAAGA	AGTTATGGAA	ACCAAAATCA	1200
	AAAATAAAAA	CGAAATATTC	AAGCATATGA	ATAAACGAGG	ACAACTACCC	GAGAAGTTGa	1260
25	ATAAATACTA	TcMAAATCCA	CCCGCnnGGk	TTTGCaTTGr	ATTcATGCAA	CTAGGTCAAT	1320
	TCGTTTCGTT	TCTCAACTTC	TATTACAAGA	AGTACAATGA	CGAAGAATTG	AGAGTTGCTA	1380
	ATATTTTAA	GCCTTTAGTT	AAAAATATAA	GAAaCAAATC	AGCTCATAAC	CAACCCATCA	1440
30	TAGCAAATCT	AAATTATGAC	AGTAGATTAC	CTCAATATTT	ATTTGAAAAA	GGAATAATA	1500
	TAGGCATATC	TAGAAACATG	TTCGGAATAA	AAAATTTTCAT	AGATACTkTC	ksTACGCTAG	1560
	AATTACATAA	TCAAGTTTGT	AGTAATGCAA	TTATCCAAGC	AAGATATCAC	GATTTGGACC	1620
35	AACTTCAAAA	GCGATATAAA	AGrAACGrAA	GCTATTATAA	TAATGCATTA	GCTATCAAAA	1680
	GATTFTTTAT	AGCTTTAGAT	AAAATTATTG	ACTTCAACAG	ACCAAAAGTA	TAACTATCT	1740
	AGTGAGGAAA	GAGACTTATA	GGTCTCGCGA	GTTATTTTAA	TTCGTATGCA	AGAAAAAGAA	1800
40	GAGCTATGCA	TTTTATTTAA	AATGCGTAGT	TCTTtTTTTA	TGCATCTAAA	TTCATATTAT	1860
	TTTTGCAATA	TAAACATATC	TTGTGCAAAA	TTCCGAACAC	AAAACATTCA	CATCATCCTT	1920
45	TTTtGCCCTT	TTTCTATACC	CCAAAACACA	AAAAGCCCCG	TAAGCCTATG	CcTACGGGgT	1980
	TTGACAATAA	ATTATATAIT	ATTGTTCTTC	TtTAACATAT	GGTAATAATG	CCATATGACG	2040
	AGAACGTTTG	ATAGCTGTAG	TCAaCATACG	TTGATATTTA	GCTGAAGTAC	CAGTTACACG	2100
50	ACGTGGTAAA	ATTTTACCGC	GTTCTGAGAT	AAAACGTTTT	AATAATTCAG	TGTCTTTGTA	2160
	GTCGATATGT	GTAATACCAT	TTGCTGTGAA	ATAGCATACT	TTTTTACGAC	GACGTCCGCC	2220

55

EP 0 786 519 A2

CGTTAATTTT TATTAGAATG GTAAGTCATC ATCACTTATA TCAATCGGTC CGTTTGCATT 2340
 TGCAAATGGA TTATCAGATT GTTTCGTGTT TGATGAATTA TTGTACGAAT TGTTTTGTCC 2400
 5 TGATTGTTGA CCACCGAATC CTTGACCGTA ATCTTGGAAT TCATTTTGTT GACGTTGGCC 2460
 ACCATTTTGT TGCGCATTTT TAGGTTCAAG GAATTGAACG CTATCACACA CAACTTCAGT 2520
 AACAAACACA CGACGACCTT CTTGATTTTC ATAATTACGG GATTGTAAGC GACCATCTAC 2580
 10 ACCAGCTAAA CTACCTTTAG ATAAATAGTT ATTTACATTA TCTGCTTGTC TTCTAAAAAC 2640
 AACACAGTTA ATAAATctG ctTCGCGCTC CCCTTGAGCA TTCGTGAACG TACGATTTAC 2700
 TGCAAGAGTG AATGtCGCTA CACTCACACC TGAGGGAGTG GTTCTGTATT CCGGATCTTT 2760
 15 CGTTAAACGA CCTACTAATA CAACTCTATT TAGCATTTAA ACGCCCCCTC TAATTATTAC 2820
 TTGTCTTCGT CTTACGAAT AACCATGTAA CGAATGATAT CGTCACTGAT TTTAGCTAGA 2880
 CGTTGGAATT CGTCAGTAGC TTTGTTGTTA TCAGATTTAA CACGTACGAT GTTGTAGAAG 2940
 20 CCATCTTTGA AATCATTGAT TTCATAAGCT AGGCGACGTT TACCCAGTC TTTTGCTTCT 3000
 AAAACTTCTG CACCTTCAGT AGCTAAGATA CCGTTGAAAC GTTCAACTAA CGCTTTTTTA 3060
 GCATCTTCCT CAATGTTTGG GCGTACGATG TACATAACTT CATATGTTCT CATTTTATAT 3120
 TTGCACCTCC TTGTGGTCTA TACGGCTTAT CAATCTTAA ACAGATAAGC AAGGaATAAT 3180
 TTTCACTACT CACAATAAAG AATTaTATCA TGCGCCATTA CTTTTTACAA TaATAATTcA 3240
 30 AACTACTCTT CATATCATTT TTGATATtAA TTCATTTGaa ACTTTChATG ATATTTTnAA 3300
 AAATACACTT CACAAAAGCG AACATATGTh CTATAAnAGT TGTGAGGTGG TAAGGAATGA 3360
 ATTTA 3365

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 247:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1032 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 247:

GTAAAAAGTA ATTGGTGGTA TTGATGATGA TTTTACAGCC AATGTTATGC ATCCAAATCA 60
 ATATCGAATT CGATATTCGT CTCAGAAACA GGACCTTAAT GAAGATATGA CAGTTTTTGA 120
 50 TGCAGTATTA AGTTCGTGATA CAACAACTTT ACGCATCATC AAGCAATATG AGCAGGCAGT 180
 ACAAGCTTAT GCGGATGACC AAAGTGATAA ATTGTTCAAG CGAATGATGG ATGCGCAAGA 240

55

ACTAGGTATA CATGATACTA CTAAATACAT TAAAGAATTA TCCGGCGGAC AACAAAAACG 360
 TGTGTACTTT GCTAAAACAT TAATAGAACA ACCAGATTTA TTGTTATTAG ATGAACCTAC 420
 5 GAACCATTTA GACTTCGAAT CAATCAGCTG GTTGATCAAT TATGTGAAGC AATATCCTCA 480
 TACTGTTTTA TTCGTAACCC ATGATCGATA TTTTAAAT GAAGTTTCCA CTAGAATTAT 540
 TGAAGTAAAC AGAGGTAAGT TAGCGTCATA TCCTGGTAAC TATGAATCTT ATATTGAAAT 600
 10 GCGCGCTGAA AGAGAAGTAA CACTTCAAAA GCAACAACAA AAGCAACGAG CTTTATATAA 660
 GGAAGAACTT GCTTGGATGA GGGCTGGGAG CTAAGGCTCG TACTACAAAG CAAACAAGCTA 720
 GAATTAATCG ATTTAATGAC CTAGAAATG AAGTTAACCA GCAATATAAA GACGATAAAG 780
 15 GTGAATTGAA TCTTGCTTAT TCAGATTAG GTAAGCAAGT GTTCGAATTA GAAGACTTAT 840
 CAAAGGCTAT TAATGATAAA GTATTATTG AACATCTGAC GGAAATTATT CAAAAGGTG 900
 20 AGCGTATTGG TGTGTTGGG CCAAATGGAG CTGGTAAAC AACACTCTTA AATATTTTGA 960
 GTGGAGAAGA CCAACAATTC GAAGGTAAAT TGAAGACTGG GCAGACGGTT AAAGTAGCTT 1020
 ATTTAAGCA AA 1032

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 248:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 852 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 248:
 35 TGTGATTAAC GAAGCTTATT TTCGTACACC TTCAACAACT GATTACAACG GCGTTTATCA 60
 AGGTATTAT ATTGATTTTG AAGCAAAGGA AACTAAAAAC AAGACGTCCT TTCCTTTAAA 120
 TAATATTCAT GACCATCAAG TCGAACATAT GAAAAATGCA TATCAACAAA AAGGTATTGT 180
 40 GTTTTAAATG ATTCGTTTTA AAACGCTAGA TGAAGTTTAT CTTTACCCT ATTCAAATT 240
 CGAAGTATTT TGGAAGAGAT ATAAAGATAA TATTAAAAAG TCTATAACAG TTGATGAAAT 300
 ACGAAAAAAT GGTACCATA TTCCTTATCA GTATCAACCA AGATTAGACT ATCTAAAAGC 360
 45 AGTTGATAAG TTGATATTAG ATGAAAGTGA GGACCGCGTA TGACGGAAAA CAAAGGATCT 420
 TCTCAGCCTA AGAAAAACGG TAATAATGGT GGGAAATCCA ACTCAAAAAA GAATAGAAAT 480
 50 GTGAAGAGAA CGATTATTAA GATTATTGGC TTCATGATTA TTGCATTTTT CGTTGTTCTT 540
 TTAGTAGGTA TCTATTGTT TGCTTATTAT GCTTGAAAG CACCTGCTTT TACCGAAGCT 600

55

TTAGATAATG GCCAAAGACA TGAGCATGTA AATTTAAAAG ACGTGCCGAA ATCAATGAAA 720
 GACGCAGTAC TTGCAACTGA AGACAATCGT TTCTACGAAC ATGGCGCACT TGATTATAAA 780
 5 CGTTTATTCG GTGCAATTGG TAAGAACTTG ACTGGTGGAT TTGGkTctGA AGGtGCCTCA 840
 ACATTAACAC AA 852

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 249:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5804 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 249:

CACTTTTTTC ATTAAAAATC TCATATTTAT AACTGAACG TAATCTCGAA TATTTTTCAA 60
 CCCAAGTTTT AACTTTAACT TTTTCTGGAT AAAAAATAGA CTTTTTATAA TTGACATTGA 120
 GGTCAGTCAC AGGTGAAATG ATTCCCTGTT TTTCCATATC AGCATAACTA AAACCTAACT 180
 25 TCGATATATA ATCCAACCGC GCAACTTCAA ACCAAGTTGC ATAATCCCCG TGATAAATTA 240
 CACCCATCTT ATCAGTTTCA GCATAACGCG CTTCTATTTT TGTAATACTA TATATCATTT 300
 TAAGCCTTCT TTCAGTTTAA CTTTATATCT CATTCTAACA TAAAATACAA GAAGAGGCCG 360
 30 GCCAAGAACA CAAAGGKTTT GAACCGACCT ATTATATCAT AAaGTTTATA GAAGTATTTT 420
 TGAGCACTAT CAAAGTGCCCT CAAATACCGA TAAAAATTTT ACTGTGATAT CTATTTTTTA 480
 TTGCGCTAAT TTATTTCTTA AAACCATTTG TAAAATTCCA CCGTGACGAT AGTAATCCAT 540
 35 TTCAACAAGT GAGTCAAAAC GAACCATAGC GTCAAATTCT ACCAAATCAC CATCTTGCTT 600
 CTTAGCAGTA ACTTTGACGT AGtCATGTGG TTGAACATTT TCATCAATAT TAACAGrAAT 660
 TTCTTCTGTA CCATCTAGAC CAAGAGAATC AGCTGATTCA CCTTTTTTAA ACTCTAATGG 720
 40 TAATACACCC ATCATAACTA AATTGAACG ATGGATACGT TCATAACTTT GTGCAATAAC 780
 TGTTTTAACA CCTAATAAGT TTGTACCTTT TGCTGCCCAG TCACGAGATG AACCCATACC 840
 ATAATCGTTA CCAGCTAATA CAACTAAACC TGTACCATCT TCTTTATATT TCATTGCAGC 900
 45 ATCAAAGATA GGCATTACTT CATTGTGTGG CCAATAAGTT GTAAAACCAC CTTCAGTACC 960
 TGGCGCTAAT TGGTTTTTAA TACGTATATT AGCAAACGTA CCTCGAACCA TTACTTCGTG 1020
 50 ATTACCACGT CTTGAACCAT ATGAATTAAT TTCACGAATA GGCACCTGAT GATCTTGTA 1080
 ATATTTACCA GCTGGCGTAT CTTTACCAAT TGCACCTGCT GGAGAGATGT GGTCAAGTTG 1140

EP 0 786 519 A2

	TTCTTTAGAT AATCCTTGGA AGAATGATGG ATTTTGAATG TATGTTGAAT TAGGATCAAA	1260
	GTCATATAGA GGTGATCAG TTACATCAAT CTCATTCCAT AATTCGTTGT TATTGTATAC	1320
5	GTTATTATAT TCTTCAATAA ATAATTCAGG TGTTACAACA CTATCAACGG TATCTGAAAC	1380
	TTCTTTAATT GATGGCCAAA TATCTTTCAA ATATACATCT TCACCGTCAT TACCTTTACC	1440
10	AATAGGTTCA TTTTGTAAAT CAATATCAAC CGTTCCAGCT AATGCATAAG CAACAACATA	1500
	CTGTGGTGAA GCTAGGTAAT TGGCTTTAAC AAGAGGATGG ATACGACCTT CAAAGTTACG	1560
	GTTACCAGAT AATACAGATG TCACTAATAG GTCCTCATCA GCAATCGCTT TTTCAATTTC	1620
15	TGGTAATAAA GGACCTGAAT TACCGATACA AGTTGTACAT CCATAACCAA CCAAGTTGAA	1680
	GCCTAAATCA TCTAAATAAG GTTGTAAAGC AGCATCTCTT AAATATCCGG TAACAACCTT	1740
	TGATCCTGGT GCTAGAGAAG TTTTAACGTA TTCAGGAAC TCAAGCCTT TTTCAACTGC	1800
20	TTTTTTAGCA ACTAAACCTG CACCTAACAT TACATAAGGG TTAGATGTAT TTGTACATGA	1860
	TGTAATTGCT GCTATTGCAA TATCACCTGT TTTCATTGTA GCTTTTGATC CATCTTTAAA	1920
	GTTAATTTCA GCTTTCTTAT CAAATTCAC TTTATCTAAA CCGTGTCTT GGTTCCTGC	1980
25	TGGAGCTGTT ACAGAATTTT CAAATGATGA TTTCATATCA CTTAAGAAAA TTAAATCTTG	2040
	AGGACGTTTT GGTCTGAAA GCGATGCTT AACTGTTGAT AAATCCAATT CGATAACATC	2100
	TGTATAATTA GGATCTTCTT TCTCAACATC AAAGAACATA TGGTTTTGTT TCAAATATTC	2160
30	TTTTACTAGC GCGATATGTT CGTCTGATCT ACCAGTTAAC TTCATATATT TAAGAGATTC	2220
	ATCATCAACT GGAAGAATC CGCAAGTTGC TCCATACTCT GGTGCCATGT TTGCAATTGT	2280
	AGCACGGTCT GCTAGTGGTA AATGTTGTAC ACCTGGACCA AAGAACTCCA CAAATTTACC	2340
35	AACAACACCT TTTTACGTA GCTCTTGAGT TACTCTTAAC GCTAAATCAG TTGCTGTGC	2400
	GCCTTGTGGT AATGAATTTA CTAGTCGTAC ACCAATAACC TCTGGAATTG GGAAATAAGA	2460
40	AGGTTGTCCA AGCATTCCAG CTTGAGCTT AATACCACCA ACACCCATC CTAGTACGCC	2520
	AATACCATT ATCATTGTTG TATGTGAATC AGTACCAACT AATGTATCTG GAAATGCACT	2580
	TTTTTCACCA TCTACATCAC GAACATGTAC AACACTTGCT AAATATTCTA AGTTAACTTG	2640
45	GTGAACTATT CCAGTTGCAG GAGGAACTGC ATTGTAATTA TCAAATGCTT TCGTTGCCCA	2700
	ATTAAAAAC TGATAACGTT CATAGTTACG TTCAAATTCT AATTTTCATAT TACGTTCAAG	2760
	AGCTTCTGGA TTTGCATAGC TATCCACTTG AACTGAGTGG TCAATAACTA AATCCACCGG	2820
50	TACTTCTGGA TTAATTTTAT TAATATCTCC CCCAACGTCA TCCATTGCTT TACGTAAAGA	2880
	AGCTAAATCA ACTACGGCTG GTACACCTGT GAAATCTTGT AAAATAACAC GAGAAGGTTT	2940

55

	GTCTGTAATT	ACAAAATCAT	CTTCTTGACG	AAGTAAAGAT	TCTAACAAAA	CACGAATTGA	3060
	ATAAGGTAAA	TTGGAAACTT	TAGTAATACC	TTGCTCTTCT	ACAGCTTTTA	AATCATAGTA	3120
5	AGTATAACTT	TGGCCATTCA	AGTCAAAATG	TTTTTTTGAT	TGCTCTTTAA	AATTTGCAGC	3180
	CATTTAATGA	TCCCCCTTGA	TACATTTTTA	TATTTATATG	CCTTGATTAA	ATTGTATTAT	3240
	TATATTTATT	GATAAACAAAC	TCATCATGCT	TAGAAAACGC	TTAATTTAGG	TTTTGACTTT	3300
10	TTAATCAGAG	TATATAAGCA	AAACTTATCA	TACAGGTAAG	GTGTAATAAG	TATTTTTTAT	3360
	TAATTGAGAA	TAATTATCAA	TTTCGCGAAT	GATTCAATTC	AATTTTTTAA	CGTATTATTT	3420
	CATTGAGCAG	AAAGAAAATT	ATGGCACCAA	ACTTTAATAT	TTTTTTCAAT	GTCATTCTTT	3480
15	TGATGGGAGT	GGGACAGAAA	TGATATTTTC	GCAAAATTTA	TTTCGTCGTC	CCACCCCAAC	3540
	TTGCATTGTC	TGTAGAAATT	GGGAATCCAA	TTTCTCTTTG	TTGGGGCCCA	TCCCCAACTT	3600
	GCACATTATT	GTAAGCTGAC	TTTTCGTCAG	CTTCTGTGTT	GGGGCCCTCA	CCCCAACTCG	3660
20	CATTGCCTGT	AGAATTTCTT	TTCGAAATTC	TCTGTGTTGG	GGCCCTGAC	TAGAATTGAA	3720
	AAAAGCTTGT	TACAAGCGCA	TTTTCGTTCA	GTCAACTACT	GCCAATATAA	CTTCGTAGAG	3780
25	CATAGAATAT	TGATTTATGT	CCCAGCCTGA	GTAAATTTTC	TATAAAAGTA	TATTTAATTT	3840
	GCGTTTATAC	CGTCAAACCT	CACTTTAGCT	TTGTCAAACC	CCTTTCTATT	AAGTTTTCAG	3900
	AAATAAACCT	ATCTTAAAT	ATAAAAAAAT	CGAGAATTCG	TAGTTTAATA	ACGAAATTCT	3960
30	CGTTCTTATC	CTTTTGAATA	TACTCAATTT	TCCACAAAAA	CAAACAAGTA	GTATATCTGT	4020
	TCTAGCTACT	AGAATGACAT	ACTACTTGTT	ATTAAAATAC	TTAACTAAAC	TTTATTAGTT	4080
	ATCTTTTTTC	TCTATATTTT	TACGTGACTG	ACGCTTTTCA	AGAATGTCAG	ATTCATAATC	4140
35	TTCTTGTTGA	CTCTTGATAT	ATTCTTGTA	GCGATGTTTA	TTCGGAGTCA	ATGTTAAACC	4200
	TAGGAATTTA	CGTTCCTGGT	TCGCATCCTT	GTAGAACTT	ACCATCATGA	GTATGACGAC	4260
	AAAGGAGAAT	GGGAATGCAC	TTATAATTGC	AGCACTTTGA	ATCGCATTIA	AAGCTTCAGC	4320
40	GCCGTTACCG	CCACCAGCTA	ATAAAAGTAC	AAATGCTATT	AAGGCCTGTG	AAATTCCCCA	4380
	AACAACTTTT	ACCATACTAG	ATGGATTTAA	TGAACCAAAT	GTTGTTTGCA	TTCCTAATAC	4440
45	AAATGTTGCT	GAGTCAGCAG	ATGTAATAAA	GAATGATGCA	ATTAATAATA	ATGCAATCAA	4500
	CGATAAAACA	ATGCCAAATG	GCACATGATT	AAACACTCCA	AATAGCTGTG	TTTCAGGAGT	4560
	CATATCAAAA	ATTTCTTTGT	GTTTCTTACC	TGTCTCGATG	CCTAATACAC	CAAAGACACT	4620
50	AAACCAAACA	AAACTAACAA	TTGCTGGAAC	TAGCAAGACA	CCAGAAATGA	ACTCTCTAAT	4680
	TGAACGTCCT	TTTGAAACTC	GTGCAATAAA	CACTCCAACG	AATGGACTCC	AACTTAACCA	4740

55

TGCTGTATCA AAACCTATTAA ACAAGAATGT GTTTAGTAAA CTACCCGTAG AGCTAGTTAA 4860
 CATATTTAAA ATAAGAACAG TTGGTCCAAC AATTAAAGCA GCTACCATTA AAATAGTACC 4920
 5 TAAACCAATG TTCAAGTTAC TTAAGTAITG AATACCTTTA CTTAATCCAG ACCATGCACT 4980
 TGCTATAAAT AAGATAGTAA CAACAATGAT GATAATCGCT TGTACAAACG TATTGTTTGG 5040
 AACATTGAAC AAGTAATGTA AACCACCATT AATTTGTAGA GCACCCATAC CTAACGAAAC 5100
 10 GGCTACCCCA ACGATTGTCG CAAATACAGA TAAACGTCA ATAAAAATCC CAATAGGACC 5160
 TTCTACTTTA TCACCTAAAA GAGGACGTAA AGTTCTAGAT AATAAACCTG GTTCACCTTT 5220
 ACGGAATTGC GAATATGCCA ACGTAACGCA ACAACACCAT AAACAGCCCA AGCATGGAAT 5280
 15 CCCCATGGA AAAATGTTGA ACGTAGAGCT TCAGTATAAG CTTCAGTAGT TTTGGGATCT 5340
 GCTGTAGGTG GCGTAGCAAA GTGCGCCATC GGTTCAGCTG CACCATAAAA CACCAAACCT 5400
 ATCCCCATAC CAGCACTAAA CAACATAGCA AACCATGAAA TTGTATTAAA CTCAGGTTTG 5460
 20 TCATTTGGTT TACCTAGTTT AAGTTTTCCA ATAGGACTAA AAATAAGGAA TATACAGAAG 5520
 AACACGATAA TCGTAGTAAG AATAAGATAA TACCAACCTA ACTTTTCTGT AATCCACATT 5580
 25 TTAATATTAT TGTAACATA GTTGAATTGT TCAGGTAAAA ATGCACCAAG TAATACGACT 5640
 ATAGCAACAA CAATTGCACT ATAGATGAAG ACTGGTGAAT ACTTCTTTCC ATTTGGATTG 5700
 TCTGGTGAAG AAGAATTCAT AATTAATTAC TCCCTTCAAT TCTATATTTA ATTTTATGTA 5760
 30 GTAGAATAAA AATATTATCT AAACATTTTA TTCAATAACT CACG 5804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 250:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 250:

ACCCGCGAAT ATGGTCCATC CTATCGATTG ATTTTAACT GGTTTGACAA TATTTAATTT 60
 TTCATAATCA TTCTTAGTGA TTTTGACATA TGTTTTCGGT ATGAGCCAGT TAATAAATGG 120
 45 AAAGAAGAAG ACAATCCAAT TACTTGCCAA ATCaATCATT AAATATTCAC TATCGTATTT 180
 GATTATTCGA TATTTAGGGT TTTTATTAAAT AACTTTAGAT TCGCAAAGCA ATGTCTCCAC 240
 50 ATCCCTTTAA TTTTATGTGT AATACATTTT TCGATACTTC AAAAGACATT CAAATACTAT 300
 CAAGTTACTG TCATCAAAGG TTTTATTAAC TGATATTtTC ATATTTTAAa TCTGAATTTA 360

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 251:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 964 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 251:

```

CCAGGGTGCG GAAAGCTTTA AAATTTGGAC TAATAAAGAT GCTGATATTA ATTCTATGAA      60
AACAGCAGTT TTACAACAAT TAAAAGGAGA ATAACATATG CTTACTGGcA AACAAAAAAG      120
ATACTTAAGA AGTTTAGCAC ACAATATTGA TCCGATTTTT CAAATTGGAA AAGGCGGTAT      180
CAACGAAAAT ATGATTAAAC AAATAGATGA TACGTTAGAA AACAGAGAAT TGATTAAAGT      240
ACATGTACTA CAAAATAACT TTGATGATAA AAAAGAATTA GCTGAAACAT TAAGCGAAGC      300
TACTCATAGT GAATTAGTGC AAGTGATTGG ATCTATGATA GTGATTTATA GAGAATCTAA      360
AGATAATAAA GAAATTGAAT TGCCATAATA ATGAAAAAGA TArYACTTTA CGGCGGTCAG      420
TTTAACCCTA TCCATACTGC ACATATGATA GTAGCTAGCG AAGTATTTCA TGAATTACAG      480
CCAGATGAAT TTTATTTTTT ACCTAGTTTT ATGTCTCCAT TGAAAAAGCA CCATGATTTT      540
ATAGACGTTT AGCACAGATT AACAAATGATA CAGATGATTA TCGACGAGCT TGGTTTTGGA      600
GATATTTGTG ACGATGAAAT TAAACGTGGT GGTCAAAGTT ATACCTATGA CACGATCAAG      660
GCATTCAAGG AGCAACACAA AGACAGTGAG TTGTACTTTG TTATTGGGAC GGATCAGTAT      720
AACCAACTAG AGAAATGGTA TCAAATTGAA TACTTAAAAG AAATGGTTAC TTTTGTAGTT      780
GTAAATCGAG ACAAAAATAG TCAAATGTT GAAAATGCTA TGATTGCAAT TCAGATACCT      840
AGGCTAGATA TAAGTTCGAC AATGATTCGA CAAAGAGTTA GTGAAGGGAA ATCTATCCAA      900
GTTCTTGTTT CTAAATCCGT TGAAAACAT ATTAAGGGGG AAGGATTATA TGAACATTGA      960
AAAA

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 252:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1193 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 252:

TTGTCATGAA ATAAATGGGA TGAATATCAC GACTAGAAGT AATGTTACGA ACAGGAGCGT 120
 ATAACTAGA GACGCTAAAT TCGACATAGT ATGThGCTCA ATTATGGCTG ATGATGAATT 180
 5 TAAAGTATGT GCGTTGGAAC TGTGGGATTT TTGTTTATAA TGTTTTGCAT ATTGCGCCAT 240
 GATGAATAGT GTAAAAATAA ATAAACAAT AAGAGATATA ATGCCCATAA TCAAAAGTAT 300
 TTGTTTAGAG CCTTTCATTA TTTCACATCC TTTCTAAAAT ATATTTGTAA CTAAATTTAA 360
 10 AATAGTTATT TTTGTAATTC TAAACCTTTT TCATCGCGAA AACAAATTAAT TAGGTCGCGG 420
 TATTAATTAT TATATTATTA CCGCTTAATA TGAAAAATAC ATGAAATTA ATTTTCTAAT 480
 ATACTTTTGA AAAATTATTA CAAATTAGCC CCTTCAAAAC GCGAAAACAT AAGGATTCTA 540
 15 GTTTCAAAAG GGCTGATAAG CATAAAATGA AATGTAATAT TTCGATGTAT AAAATTTTAA 600
 ATTAGCTAAA AATCATCGCA TTAATTTTTT GAGCTACATC ATCAAAATTC GGACATTTTA 660
 20 ACGACACATA TAATTTAATT TTAGGTTTCA TACCAGAAGG ACGTAAAGCG ATAAATCCTT 720
 CGTCAAATAA GACACGAATA ACATTTGATT TAGGAGAATT AATCTGCGAC GTTGTATCTT 780
 TATCCAAATG ATAAACCTCG CTAGTTAAAT AATCTTCAAT TGCTTTCATC TTGAGTCCTT 840
 25 GAATCTCTTG CCGTGGATTT GAACGGAATT TGGTCATTAT TGCATTAATT TTCTTTTTCC 900
 CTTCAAATCC TTCTAGCGTA TGCGgAATAA TGTATCCTCA TGTCTACCAA CAGTTTGATA 960
 AATCTGTTCT AATTCATCTT TCAATGTTTT GCCATATAAT TTAACTCAG AAGCGTATTT 1020
 30 TATAATGAGT GGCACAATTT GTACGGCATC TTTATCACGT ACAAAGGCT CTGATAGAAA 1080
 ACCGTAATC TCTTCAAATG CGAAAATCAT ATTTGATGAT CATCCAGTTG TCTTATTTCC 1140
 TGAGCAATAA ATTTAAGCCC GTCAGCACCT CTTTGGTATT CAACATTATT ATA 1193

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 253:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1098 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 253:

TATCAGGATG ATTATGnCGG GGTTTTATTA AGTCTGAGCG TATATnCCTT TTATTCTCCT 60
 AAATGGTTTG GAATTCAAGG AGAAGACGAT GAAATGGTAT CCAAAAACCA AnGAATATAT 120
 50 nGCATTAAGT CTGAGGATGA TAGTGCGGTG GCAATTCGTT CATTAATTTT GCATAAAGAT 180
 GAACCTATGT ATTTAAAAAA ACGTACATGT GTACCTACTT TGTTAATTAA TGGGGAACAT 240

AAAAAAATCT TCGAACATTG AGGACATGCA CCGCATATTG AAGAACCAGA AGCATTATG 360
 AATTATTATT TAAAAATTTT AAAAAGCGTA TCATAATATG TGATATATAA ACCTAGGGCA 420
 5 TAAAGTCCTT AGGCAATGTG AAAAAGCTGA TTACTATTCA TTATTTGATA GAAATCAGCT 480
 TTTTTTGAAA TGTATTTGAT ATATACTGCT CGTTATGCGG CTATCTTCCT TATATTAAGT 540
 GCCATTAGTG CAAAACCTCT TAACAATTAG GTAAAAAGAG CATAAAAAAA GGAAGTTTAA 600
 10 TAGAATGTAT CATCTATCAA ACTTCACCAA ATTGCGCTAA ACAAATTAT AGTTCAATTT 660
 CGTTGTTTGC TTCAGTGATT CGTTTATTTA CTCGACTCAA TAATGATTCTG ATTTTTTTAC 720
 GTTGTGTGTC ATTAACAAGA ATTAATACAG TTCTTTCATC ATGCTCATTG CGTTTTTTAT 780
 15 CGAAGTAATC TTCTTGAGAT AAAATTTTAA CTGCTTTAAC AACTTGTGGT TGTGTGTAGT 840
 TTAAATGATT AATAATATCT TTAAGATAGT ATTCTTTCTC TTTGTTTTCTG CTGATGTATG 900
 20 TCAATACAGC GAATTCCTCA AAGCTAATTG AATAATCCTT TTTAATTAAA CTTTTTAATT 960
 TGTACAGCATA AGTGACCATT GATAACAAC CAAAGCAATC ATTGATTTTTT GTAATTGCCA 1020
 TGTTTAAAC CTCCTATTTT GATGCATCTT GCTCGATACA TTTGCCCCGA TAATATATG 1080
 25 TATCTAATCT TTATGnAT 1098

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 254:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 2881 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 254:

CCAGGTAAAA TTGTGCAATC ATTTGACGCA TTAATGGACG CCTTGGACAA TGAAGATTAT 60
 GAAGGAGAAA AAGTCATTCC ATTCTTAGAT AAACATTTTA AATATCAAGA TGGCCGATCA 120
 40 AGTGAGCGTT TAGTCAGAAA TTTATTTGGT AGCTAAGTTT ATATAGTAGT CAAAGTGGGA 180
 GAGGTATAAT GATGAAATTT TCAGTAATAG TTCCAACATr CAATTCAGAA AAGTATATAA 240
 CAGAATTACT TAATAGCCTT GCGAAACAAG ATTTTCCGAA AACTGAATTT GAAGTGGTTG 300
 45 TAGTTGATGA CTGTTCAACA GATCAAACGT TACAAATAGT TGAAAAGTAT CGCAATAAAT 360
 TGAACCTGAA AGTAAGTCAA CTCGAAACAA ATTCTGGTGG TCCAGGTAAA CCTAGAAATG 420
 50 KGGCGTTAAA ACAAGCAGAA GGTGAATTTG TATTATTTGT GGAATCCGAT GACTATATAA 480
 ACAAGAGAC TTAAAGGAT GCAGCAGCAT TTATTGATGA ACATCACTCA GATGTCTTAT 540

55

	CACCTGAAGT TACTTTGTTA AATTCAAGAA TTATCTATAC TTAAAGCCCG ACTAAAATCT	660
	ATAGAACAGC ATTACTAAAA GATAATGACA TTTATTTTCC AGAAGAATTA AAGAGTGCAG	720
5	AAGATCAATT ATTTACAATG AAAGCATATT TAAATGCAAA TCGAATCAGT GTGTAAAGTG	780
	ATAAAGCGTA TTATTATGCT ACAAAGCGTG AAGGTGAACA TATGAGTAGT GCGTATGTTT	840
	CACCTGAAGA CTTTTATGAA GTCATGAGAT TGATTGCTGT AGAAATATTA AATGCAGATT	900
10	TAGAAGAAGC CCATAAAAAT CAAATCTTAG CAGAATTTTT AAATCGTCAT TTTAGTTTTT	960
	CTCGTACGAA TGGCTTCTCA CTTAAAGTTA AACTAGAAGA TCAACCACAA TGGATTAAATG	1020
	CTCTAGGAGA CTTTATACAA GCAGTTCAG AACGTGTAGA TGCATTGGTG ATGAGTAAAT	1080
15	TACGACCATT GTTGCACTAC GCGAGAGCGA AAGATATAGA CAACTATAGA ACTGTGGAAG	1140
	AAAGTTACCG TCAAGGTCAA TACTACCGTT TTGATATTGT AGATGGTAAA TTAAACATTC	1200
	AATTCAATGA AGGCGAACCA TACTTTAAAG GCATTGATAT CGCTAAGCCA AAAGTGAAAA	1260
20	TGACAGCATT TAAATTTGAT AATCATAAAA TTGTTACAGA GCTAACGTTA AATGAATTTA	1320
	TGATTGGCGA AGGACATTAT GATGTCAGAC TTAAATTACA TTCACGAAAC AAGAAGCACA	1380
25	CAATGTATGT ACCTTTAAAGT GTCAATGCGA ATAAACAATA TCGTTTTAAC ATTATGTTAG	1440
	AAGATATTAA AGCGTATTTA CCTAAAGAAA AAATTTGGGA TGTTTTCTTA GAAGTCCAAA	1500
	TAGGTACGGA AGTATTTGAA GTGCGTGTG GTAATCAACG TAATAAATAT GCATATACTG	1560
30	CAGAAACAAG TGCATTAATT CATTTGAATA ATGATTTTTA TAGATTAACA CCGTATTTCA	1620
	CAAAGACTT TAATAACATT TCGTTATACT TTACAGCTAT TACATTAACG GAITCAATCT	1680
	CATTGAAGTT AAAAGGTAAA AACAAAATCA TTTTAACTGG TCTGGATCGT GGTATGTAT	1740
35	TTGAAGAAGG TATGGCTAGT GTCGTACTAA AAGACGACAT GGTGATGGGA ATGTTAAGCC	1800
	AAACATCAGA AAACGAAGTG CnAAATCTTA CTTAGCAAAG ATATTAAAAA GCGAGACTTC	1860
	AAAAATATTG TTAAGTTAAA CACTGCACAT ATCACTTATC CACTAAATAA ATAATAAATG	1920
40	CCCTCAAATC ATTGIGAGCC AACATGATTT GAGGGCTTTA TTTTGCTGTT TATGACATGA	1980
	TTATGACATT TCCCTGATTT TCATTTTCAT ATACATTAAA TTGTATACAC TGGAAATGAG	2040
	GAGGTTATCT ATAATGATAA ATAAAAATGA CATAGTAGCA GATGTAGTAA CTGATTATCC	2100
45	GAAAGCAGCG GATATTTTGA GAAGTGTGGG AATAGATTTT TGTGTGGCG GACAAGTAAG	2160
	TATAGAAGCA GCAGCCTTAG AAAAGAAAAA TGTAGATTTG AACGAATTAT TACAGCGTCT	2220
50	CAACGACGTT GAACAAACGA ATACACCAGG TTCGTTAAAT CCTAAATTTT TAAATGTTTC	2280
	ATCACTTATT CAATATATTC AATCAGCATA TCATGAACCT CTAAGAGAAG AATTTAAAAA	2340

55

TGAGTTAAAA GAAACATACG ATACATTTAA AAATGGCATG TTAGAGCATA TGCAAAAAGA 2460
 AGACGATGTC GATTTTCCAA AACTCATTAA ATATGAGCAA GGTGAGGTAG TAGACGATAT 2520
 5 TAATACTGTG ATAGATGATT TAGTTTCAGA CCACATTGCA ACGGGAGAAT TGTTAGTAAA 2580
 AATGAGCGAA TTAACATCTA GTTATGAACC TCCGATAGAA GCGTGTGGTA CTTGGCGACT 2640
 TGTTTATCAG AGATTAAAAG CACTTGAAGT GTTAACACAT GAACACGTAC ATTTAGAGAA 2700
 10 TCACGTATTA TTTAAAAAAG TATCATAAAT AACGCGATTA GAAACTGTTG GCAAAAATAA 2760
 GTCCAGCAGT TTTTCGCTAT GTATAAAAGT CATAATAGTG ACATAAACAG CATTATTTGA 2820
 AAAGAAATAAT GGTCAACTTA GCATAAAAAT TGATATGAAT ATTTAATGGT ATAGATAATT 2880
 15 A 2881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 255:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1056 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 255:

ACCGTCGAAT ATCGCTTG TG ATTACAATT TGTGTATTAA GATGCTCAAC TAATTTGGGT 60
 30 ACATATCCG AATTTAGATT TGCAAGTACA ACAATCCAT AATTTTGTTT TGGATTAGT 120
 AAAATAAATG ATGAAAAGTT ATCTAGCGTT CCTGAATGAA AACTAAATG TTCATCATT 180
 TTGGTAAACC AGCCGGAAGC ATATGCATTG GCATTAGGTT CACCAATTGT TGAAGATAAA 240
 35 TTTTATGTG ATTGTTGAAC TAATGATTTG TATTTATCAG GTGGATTAAG TTGGAATTTT 300
 ATCCAAATGTT CCAAATCTC AGTTGATGTC ATCATATATG CTGATGGTGT ATCCCAAAGG 360
 TTAAATTCAG GTTTAGAGAC GACAGGTGTC GAACCTTGTA ATTCATAGCC AATAGCATCA 420
 40 TGTTTTGATT TGTAATTGGT TTGTTTGAAT GATGTATGTG TCATATGCAA AGGCTTGAGC 480
 CATGAATTTG TAATATATTT TGTATAGGAT TGCTTCGTAA CGTTTTGGAT AATTAAACCT 540
 AATAAATCAT AGTTCATATT TGAGTATCA AATCTTCTC CGGGCTTATG ATGTAATTCA 600
 45 TCACCCATAA TTGCATGGGT TACATCATTT AAACGATTAT TTTTGCTTGT CACAGAATCT 660
 TCGCTTGTA TATCACTAGG TATACCACTT GTTTGAGCCA AAAGTTGCTT AATCGTAATA 720
 50 GTTTCATTTT GACCATTATA GTTCATTTA AAATGAGGCA CATGTTTGA TACGGCATCA 780
 TTTAAGTTTA ATCGACCTTC TTGAGCTAAT TTTAAAATTG CAAGACCTGT GAAAGCTTTC 840

55

TGATAACCAT AACCTTTATT TAAAAAACT TTGCCATTTT TTACTAyTAA AATTGATGCT 960
 CCAGGAATGT GTCCCTTTTG TAAATCATGC TCGATAATTG TATCTATTTG TTGTTGCGAA 1020
 5 TCATTGGTTA ACCGTGTCTT CGTATTGCTA TTTAAT 1056

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 256:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1277 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 256:

ATGCCaCACT TATTGGTGGC AGGATCGACG GGTAGTGGTA AATCTGTTTG TATAAATGGT 60
 ATTATTACAA GTATTTTATT AAATGCTAAG CCGCATGAAG TTAAACTTAT GTTAATCGAT 120
 CCGAAAATGG TTGAACTAAA TGTTTATAAC GGAATTCAC ACTTATTAAT TCCGGTTGTT 180
 ACAAATCCTC ATAAAGCTGC TCAAGCTTTA GAAAAAATTG TAGCTGAGAT GGAAAGACGT 240
 25 TATGATTTAT TCCAACATTC ATCAACTAGA AACATTAAAG GTTATAACGA ATTAATCCGT 300
 AAGCAAAATC AAGAATTAGA TGAGAAGCAA CCAGAATTAC CTTATATCGT TGTTATTGTA 360
 GATGAGCTTG CAGATTTAAT GATGGTAGCT GGTAAAGAAG TTGAAAATGC GATTCAACGT 420
 30 ATTACACAAA TGGCACGTGC AGCAGGTATA CATTTAATTG TAGCGACACA AAGACCTTCT 480
 GTGGATGTAA TTACAGGTAT CATTAAAAAT AATATTCCAT CTAGAATAGC TTTTGCTGTG 540
 AGTTCTCAAA CAGATTCAAG AACTATTATT GGTACTGGCG GCGCAGAAAA GtKACTTGGT 600
 35 AAAGGTGACA TGTTATACGT TGGAAATGGT GACTCATCAC AAACACGTAT TCAAGGGGCG 660
 TTTTAAAGTG ACCAAGAGGT GCAAGATGTT GTAAATTATG TAGTAGAACA ACAACAGGCA 720
 AATTATGTAA AAGAAATGGA ACCAGATGCA CCACTGGATA AATCGGAAAT GAAAAGTGAA 780
 40 GATGCTTTAT ATGaTGAAGC GTATTGTGTT GTTGTGgAC AACAAAAGGC aAGTACATCA 840
 TTGTTACAAC GCCAATTTaG AATTGGtTAT AATAGAGCAT CTAGGTTGAT GGATGATTtA 900
 GAACGCAATC AGGTAATCGG TCCACAAAAA GGAAGCAAGC CTAGACAAGT TTTAATAGAT 960
 45 CTTAATAATG ACGAGGTGTA AAAAAATGTC AGAAATGAAT GCGGTATATA ACGTTAAACA 1020
 ATaCATTTtA AATTTgATTA AGCAAAATAA ATTGGAATAT GGTGACCAAC TTCCAAGTAA 1080
 50 TTTATCAATT GCCAGAGAAT TAAATGTAAA AACCGACGAT GTTTATGAAG CAATTCAGcA 1140
 TTGATTACTG AACAAATCAT TAAAGATAtT TTGAAGAGGG CACAAGTGTT AAGTCACTGC 1200

GrtTTGAATG CGGAACT

1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 257:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 257:

15 TACCGTCGTT TTATGyGTCA AATTTTACAG TAAATTTTGC TTCATCAAAA GAAATAACCT 60
 TTAACAAGTA TAGTAATTTT ACATTTTACA ATGTTACAAA ATATAATTTT TTATAATTAG 120
 TTAAATCAC TAAACGCTT TTATACACTA TCAATCAGC ATTTATAAAA ATATGAACCG 180
 20 ATATCTTAAA ATGTTAATAA TATTACAAGA TAATAACArA CCACACAAAG CTACTTATTT 240
 TTGATAATAT GGAAATCGTA ATATAAAACn AAAACTTAAT TTACTATATA AATTGCTTTA 300
 ATAATTTTTA AAAGTAGTAA AACATAATTT TAAGGAGGAG TCCCTTTGAA AAAATTAGCA 360
 25 TTTGCAATAA CAGCAACATC TGGTGCAGCT GCATTTTAA CGCATCATGA TGCACAAGCT 420
 TCTACACAAC ATACAGTACA ATCTGGTGAA TCATTATGGA GTATTGCTCA AAAATACAAC 480
 ACTTCAGTAG AGAGTATTAA ACAAATAAC CAATTAGATA ACAACTTGGT ATTCCCTGGT 540
 30 CAAGTTATCT CAGTAGGTGG AAGTGATGCA CAAATACGT CAAACACTTC TCCACAAGCT 600
 GGTTCAGCAT CATCTCATAC TGTACAAGCT GGTGAATCAT TAAATATCAT TGCTAGCAGA 660
 TATGGTGTTT CAGTTGATCA ATTAATGGCA GCCAATAACT TACGTGGTTA TTTAATTATG 720
 35 CCTAACCAAA CATTACAAAT TCCTAATGGT GGATCAGGTG GTACAACACC AACAGCTACA 780
 ACAGGTAGCA ATGGCAATGC ATCATCTTTT AATCACCAAA ATTTATACAC TGCTGGTCAA 840
 TGTACATGGT ACGTATTTGA CCGTCGTGCT CAAGCTGGTA GTCCAATTAG CACATATTGG 900
 40 TCAGACGCTA AGTATTGGGC TGGTAACGCA GCTAATGATG GTTACCAAGT AAACAACACA 960
 CCATCAGTTG GTTCAATTAT GCAAAGCACA CCTGGTCCAT ATGGTCATGT TGCTTATGTT 1020
 GAACGTGTCA ATGGTGATGG TAGTATCTTG ATTTCTGAAA TGAATTACAC ATATGGTCCA 1080
 45 TACAATATGA ACTACCGTAC AATTCCAGCT TCAGAAGTTT CTAGCTATGC ATTCATCCAT 1140
 TAATTAAATA AATTGTACTG ATATATACTA GCAATTCACA TCATGTGAGA TTGCTAGTTT 1200
 50 TTTATTTTGG AAAAAAATTT TCATTTTGGT AAAAAAATT ATCTCACCCCT TCCCTATCAT 1260
 ACATATTTAT ATTTTGTATG AATGGTAGTT AGGTAAAAAT TAACAACCTA CCTATTTGAT 1320

55

	ATTTAATTG TTATACCAGT ATTTTACGCT TTTTCGTCTA CATATACAAA TTTATATTAA	1440
	ATAAAGCCCA ATACAATTTA GGTAAATTAA ACAAGTTGAT AACTATTTAA TTATTCCTTC	1500
5	ATTGAAGAAT ATAAACTATT AAATCATTAT TTTGCTCTTA CATATATTTT AATGACCTAA	1560
	CTGaATTATGT TCCATGGAAT ACATTTATAA TATAGCCTCC TAATTAArAT GCyTTGTCTT	1620
	GGTCATTCTA CGTAAATTCT ATAAAAATATG TTATCTACTT ACATAAArAn CTGrACTTCA	1680
10	ATACCACCAT ATGTTTGTGA TACTGAAGTT CAGTTTAGTT TTATTTTCAA TTAGAAAAAT	1740
	AAGTTAAGTA TATAGAATAG TAAACCTGCT AACAATGCTG AAATAGGTAA TGTAATCACC	1800
	CATGTAATGA TCATTGTTG CGCagTGCTC CATTTTACAC CTTTAGCTCG GTTAGAAGCA	1860
15	CCAACACCTA AGATTGATGA TGACACAACG TGAGTTGTTG ATAATGGGAA ATGTAGCGAT	1920
	GATGCAACAA AAATTGTTAA TGCAGATGAT AAATCGGCCG CAGCACCATT TGCTGGACGT	1980
20	ATTTTCATAA TATTACCACC TACAGTTTTG ATAATTTTCC AGCCACCAAT TGCAGTACCA	2040
	AGCCCCATTG cTGTCGCACA GGCAAATTTT ACCCATAACT GTGGTTCAAC ACTGCCATCA	2100
	TTCTGTACAT TAGCGACAAT CAATGCCAAC GTAATAATAC CCATTGATTT TTGCGCATCA	2160
25	TTCGTACCGT GAGAGAATGA TTGTAACGCT GCTGTGAAAA TTTGGAAAAA TCTAAAGTTA	2220
	CGATTTCGCTC TTGTTAAATT TGCATTTTTA AAGATAACTT TAAAAATTGA ATACATCAAG	2280
	AAACCAACAC AAAATGCGAT AATCGGTGAA ACGATTAATA CAATAATAAT TTTTGTGAAA	2340
30	CCTTGGTAAT GTAACACTCC AAATGAGCCT TCAGATGCGA TTGCTGCACC CGCAATTGAA	2400
	CCTATAAGTG CAIGTGAAGA CGAACTTGGA ATTCCGTAAA ACCAAGTAGC TAAATTCCAA	2460
	ATAATAGCCG CAAGTATTGC AGCTAACACA ACAACTAATC CATTTTCCAA TTTAAATGGA	2520
35	TCGACAATGT CTTTAGTAAT GGTGCCTGCA ACGCCCGTAA ATGTTAAAGC ACCTATAAAG	2580
	TTCACTACTG CTGCCATTAA AATTGCCGTT TTAGGgTTAA CGCTCTAGTA GATACAGCAG	2640
	TAGCTACTGC ATTGGcTGTA TCATGGAaTC CcATTGATAA AGTCAAATAT CAGCGAGAAA	2700
40	ATAACTACAG CTATAGTGAC GATGATTATA TATGACATAA ATATATACTC CCCTTAGCTA	2760
	TTTTTCATAA TAATAGTTTC AAAATTATTT GCTACGATTT GACATTTATC AGCGATTTCT	2820
	TCCATGCTTT CATAAATATC TTTTATTTTA ATTAAAGTGA TTGGATCTGT TTCGCTATTG	2880
45	AAAATATGTT TAATTGACTG TCTTAAAATA CCATCACAGT TTGTTTCAA TTCTTTAATA	2940
	TTAATTGAAT GAATACGCAT ATGTGATAAT TTTTATCGA CTAATAAGCC GACAGCAAGT	3000
50	TTCATTTCTG CAACTGCTTT TTGAATGTIA TCAACAACT CAGCCATATA TTCATCTGTG	3060
	TATTCGATTG AATACATTTT AAACATrGCT GCCGTTTCTT CAATTGCATC TAAAACATCA	3120

55

TTTAAATCAG TAATTACTTG ATGTACTAAT tCGcACCATG TGACTCATAA GTTTTAATGT 3240
 TGTCTGAGTA TGCTTTTAAA TCTAAATGTG TATTGAAATC CATTTTACCG AATTCAATAG 3300
 5 CAGCACGATC CAGATTGAAA ACCATCTCTT CTAATTGAAC CATAAACTTA TCTTTTTTCT 3360
 TACTAAACAT TTAATACTCT CCATTTAAGC GATTGTCACC AATCACATTC AGTTATAATT 3420
 TGTTTTCAAAT TAAGACAAGT GAATTTACAA ACTAATGATA CAAATTTGTT ATTATCAATC 3480
 10 GTCAGTATAA TTTTACTGTA CTGATATTAA TTTCAAAAAT GCCTCACAGT AAACAATTTA 3540
 CTGTATTTGC CCTTATA 3557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 258:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1631 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 258:

25 AACTATACAT TTCGAAAAAT TCTTCTAGTG AACCTGCGCC ACCAGGAGCC ATGACAAATG 60
 CATCTGCAAG TTCTGCCATT TTATTTTnAC GTTCATGCAT AGAATCAACT AAAATTAATT 120
 CAGTTAAACG TTGGCTTGTG ATTTTCATGTT CATCTAACAT TTTAGGCATG ACGCCAATAG 180
 30 CTTTGCCGCC ATGATCTAAT ACACCATCTT GaATGGCACC CATAATGCCA ATTGACCCTG 240
 CACCAAATAC TAATTCATAA CCTTGTTTCAG CAAAATATTT ACCTAAATCG TATGCTTTTTT 300
 GTACATATGA AGGGTCATGA CCTTTGCTTG CACCACAATA AACTGCGATT CGTTTCATGT 360
 35 TAATCCAGCT CCTTAATTCG ATGAATGACT TTTAATAGTG ATTGTTCAAA CACTTTTTGA 420
 TCTTGCTTTG TAAAAGGTGG GGGACCTTTG TGGCGACCAC CTTGTTTTCT AATTTGTGCA 480
 TTCATATATC GTTTATCTAA TAGTTGTTGA ATATTTTTTG AATTGTATAT CTTCCCATTA 540
 40 TGATGCATGA CAATTAAGAC TTTGTCGACT AATAAACTTG CGAGTCCATA ATCTTGAGTG 600
 ACTACGATAT CATCCTTCGT TGATAATTGA ACAATTTTGT AATCAACTGC ATCTGGTCCA 660
 TCATCAACAT ATAATGTTGA TACATGTGGA GGATATAATT GGTTCGAAAA ATGGCTGAAG 720
 45 CTCCGAATAA TTGTCACAAA AATGCCTGTC TCAGTTGTTA AATCTATAAT AGAATCAACA 780
 ACAGGACAAG CATCTCCATC AATAATAATA TGTGTCACAA TTATGCCTCT GTATTGTTTT 840
 50 CTTTATTTTG TTGAGAGGCG CTTTGGCAA CATAATCTTT ATATTTTTTA AATGACTTGA 900
 TCGTGCTTT ATCAGCTTCT TGTGCGGTT TTTGTTCTTC TTTGTGCTGT TTTTCAATAT 960

55

CGCCTTTTTT CTCAGTTTTC TCATCTAATT TATTAGGTGT TAAGCCTGCT TTTTCTTCGT 1080
 ATTTTTGTGA TTTTTCATA TCTTAATAC GTTGTATTTC ATTCTTTTCG CGGGCTTTTT 1140
 5 GCTCTTCTTT ATGACGCTTT TCGATATTTT TTTGAAGTAT TTTATTCATT TTATCAGCGT 1200
 CTTTACGATT TTGTTTAGCT AATTTTTTCG CTTTTTCTC AATATAGGCA GGATCATGTT 1260
 CTCTAGCAAA CTTTTTAAGT TCACGTTTAT TTTCAAATC TTGTTTTTTA TCGCCGACAT 1320
 10 ATTCTTTAAC ATCACTCGCT GTGTACTGA TTGCTGCAGA TGTTTTGA GCAACTTTAC 1380
 TTGTAGCATC TGTAACTTT TGTACGTCCG GATGTTGTTT GATACGTTTA CGTTCAACAA 1440
 TTAACGGTAC CAATACAATT GGTAATACAT TAATCATAAA TTTGATGACT TTTTCTTAT 1500
 15 CCATAGATCT TGcCTCCaTA ATTACTTTAT TAAtTTTACa TACCctATGa TACATCAATA 1560
 TAAACGATGA TAGTAGTGAA TCACTATTAA GTATTTCAGA TGTtTTTAA AAgAGaCCC 1620
 20 AATTAnAAAA A 1631

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 259:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6645 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 259:

CGAAATCATG ATTTAATGCT TTTTCATATA AGCTTTTCCA ATTAATCTTT CGTCCATGAT 60
 ATTCTTCAAC TGTTGCTAGA TATTGTGCAA TTTAGTTAC TTTAAAGGAG TGTGCTGCAA 120
 35 CaTTGTGkTC mAAATATTTA AATTTTCCaG GtAATCTTAT AAGTCTTCC aTATCTGATA 180
 ATCTtTTAAA ATATTGATGT ACACCCATTT CAATTACCTC CTCCATTAAT TAATCATAAA 240
 TTATACTTTC TTTTACATA TCAATCAATT AAATATCATT TaAATATCTT CTTTaTATAA 300
 40 cTCTGATTAA ATGATACCAA AAAATCctCT CAACCTGTTA CTAAACAGG CTAAGAGGAT 360
 AGTCTTGTCT TGATATATTA CTTAGTGGAT GTAATTATAT TTTCTGGAT TAAAAATTGT 420
 TCTTGAAGAT TTAACATTAA ATCCAGCATA GTTCATTTC GAAACAGTAA TTGTTCCATT 480
 45 AGGGTTTACA GATTCAACAA CACCAACATG TCCATATGGA CCAGCAGCTG TTTGGAAAAT 540
 AGCGCCAAC TCTGGTGTtT TATCTACTTT AAATCCTGCA ACTTTTGCTG CGTAATTCCA 600
 50 GTTATTGCA TTGCCCCATA AACTTCCTAT ACTTCTACCT AATTGTGCAC GACGATCGAA 660
 AGCATAATAT GTGCAGTTTC CATAAGCATA TAAGTTTCCT CTGTTAGCAA CTGATTATT 720

55

EP 0 786 519 A2

	TACATTAACT GTCTTAGTTA CTGCTTGCTT AGGTGCTTGC TTAAC TACTA CTTTTTTAGA	840
	TGCTTGTTGT ACAGGTTGTT TTACTACCTT TTTAGCTTGG CTTGCTTTTC TTACTGGTGA	900
5	TTTAACCGCT TTAGTTTGTT TCACTTTATT TTGAGGCACA AGTGAAATCA CGTCACCAGG	960
	AAAAATTAAA GGTGTTACAC CAGGATTGTA TGAATATAAT TGATTCAACG TTAAGTGATG	1020
	CTCTAAAGCA ATCTTATATA ATGAATCGCC AGCAACTACT GTATAAGTTG TCGGTGATTG	1080
10	CGTTTGTGCT TGAACATTTG ATACATAATT ATGTTGAACA GGTGTTTTTA CTTGTGTGCC	1140
	ATGTTGTTGT GCATGTGCTG CATTATTTAA AGCTAAAAAA GCTAACACTG ACGAAACCGT	1200
	CACTGTAAGA GATTTTTTCA TCTTGCTGTC ATTCTTTTGC TGTTAGTATT TTAAGTATGC	1260
15	AAATACTATA GCACAATACA TTTTGTCAAA AGCTATTGTT ATAACGATGT AATCAAATGG	1320
	TTACAATAT AAAAGAATA CAACCTTTTA TCATAGTGTA AAATGTATTG ATACCATGTA	1380
20	ATTGAGAACG TTTTCAATAA TTAATTCAAT ACCTTGAAAA TCGCCATAGG TAATATTACT	1440
	AAATGCACAC TGCATATGTT GTTTTAACAA ACACAACCTT TAAAAAATAT ATTCTAACTC	1500
	TATCTACCGA ATTGTACTTA AATATTGATA AACAAATCAT ATTCCAAAAT CTAATTTACA	1560
25	ATTTATTTAG CTACCTTTAA AAAAACCCAA AACCAGCGCC CTTTTAGAGC CTCGGTTTTA	1620
	AAATATATAT TAATCGTGCG ACATTGCTG TCTTAAATAT GATTGATAA ATGGTCCAAT	1680
	GTCTCCATCC ATCACTGCAT CAACCTTACC TGTTTCTTCG TTCGTACGAT GATCTTTCAC	1740
30	CATTGAGTAT GGATGGAAAA CATATGATCT AATTTGGCTT CCCCAGCCGA TTTCTTTTTG	1800
	TTCGCCACGA ATTTACGCCA TTTCACGTGC CTGCTCTTCC AATTTTAATT GATATAATTT	1860
	AGACTTTAAC ATTTTCATAG CTGCTTCACG GTTTTAAATT TGAGAACGTT CATTTTGGTT	1920
35	ATTAACAAC TACCTGAGG GGTGGTGGGT AATTCGTATT GCCGATTCAG TTTTGTTAAT	1980
	ATGCTGACCA CCTGCACCAG AAGCTCTGAA TGTATCAACT GTAATATCAT CCGGATTGAT	2040
	TTCAATCTCT ATTTCATCAT TATTAAAATC TGGAATAACG TCGCATGATG CAAATGATGT	2100
40	ATGACGACGT CCTGATGAAT CAAATGGAGA AATTCGTACT AGTCGGTGTA CACCTTTTTC	2160
	AGCTTTTAAA TAACCATAAG CATTATGCCC TTTGATGAGC AATGTTACAC TTTTAATCCC	2220
	CGCTTCATCC CCAGGTAGAT AATCAACAGT TTCAACTTTA AAGCCTTTCT TCTCACAATA	2280
45	ACGTTGATAC ATTCTAAATA GCATATTAGC CCAATCTTGA GACTCCGTGC CACCTGCACC	2340
	AGGATGTAA TCTAGAATTG CGTTATTGGC ATCGTGAGGC CCATCTAATA ATAATTGCAA	2400
50	TTCGTATTCA TCCACTTTAG CCTTAAAATT AATGACCTCT TGCTCTAAGT CTTCTTTCAT	2460
	TTCTTCATCA AATCTTCTT GTAATAAATC CCAAGTAGCA TCCATGTCAT CTACTTCTGC	2520

55

	TTGCGCTTTC GTTTGGTTAT CCCAAAAATT AGGTTCTGCC ATCATTCTCT CATATTCTTG	2640
	AATATTAGTT TCTTTGTTCT CTAAGTCAAA GAGACCCCT AATTGTGTT AAATCTTGAT	2700
5	TATACTTATC TATATTTCGT TTGATTCTG ATAATTCCAT AGCATTTCGT CCTATTTATA	2760
	TTTCAATTCA AGTCATTGAT TTGCATCTTT TATAATGCTA AATTTTAACA TAATTTTGTT	2820
	AAATAACAAT GTTAAGAAAT ATAAGCACAC TGACAATTAG TTTATGCATT TATTGTTAAA	2880
10	AATCAGTACA TTTATCATCG ACATATGCCT AAACCGATT TTTAAACTA AGTACATAAC	2940
	AACGTTTAAC AACTTCTTCA CATTTTTTAA AGTATTTAAC GCTTGTAATA TAAAAAGACT	3000
	CCTCCCATAA CACAACTAT AGGTGTTTTAA TTGAAGGAG TTATTTTATA TCATTTATTT	3060
15	TCCATGGCAA TTTTGAATT TTTTACCACT ACCACATGGA CAATCATCGT TACGACCAAC	3120
	TTGATCGCCT TTAACGATTG GTTTCGGTTT CACTTTTTCT TTACCATCTT CAGCTGAAAC	3180
20	GTGCTTCGCT TCACCAAAC CTGTGTTTT TTCACGTTCA ATATTATCTT CAACTGTAC	3240
	TACAGATTTT AAAATGAATT TACAAGTATC TTCTTCAATA TTTTGCATCA TGATATCAAA	3300
	TAATTCATGA CCTTCATTTT GATAGTCACG TAATGGATT TGTGTGCAT AAGAACGTAA	3360
25	GTGAATACCT TGACGTAATT GATCCATTGT GTCGATATGA TCAGTCCAAT GGCTATCAAT	3420
	AGAACGAAGT AAAATCATAC GCTCAAACTC ATTCAATTTGT TCTTCTAAGA TATCTTTTTG	3480
	ACTTTGATAT GCTGCTTCAA TCTTAGCCCA AACGACTTCG AAAATATCTT CAGCATCTTT	3540
30	ACCTTTGATA TCATCCTCTG TAATGTCACC TTCTTGTAAG AAGATGTCAT TAATGTAGTC	3600
	GATGAATGGT TGATATTCAG GCTCGTCATC TGCTGTATTA ATATAGTAAT TGATACTACG	3660
	TTGTAACGTT GAACGTAGCA TTGCATCTAC AACTTGAGAG CTGTCTTCTT CATCAATAAT	3720
35	ACTATTTCTT TCGTTATAGA TAATTTACG TTGTTTACGT AATACTTCAT CGTATTCTAA	3780
	GATACTGTTT CGCGCGTCGA AGTTATTACC TTCTACACGT TTTTGTGCTG ATTCTACAGC	3840
	TCTTGATACC ATTTTGTGATT CAATTGGTGT AGAGTCATCT AAACCTAGTC GGCTCATCAT	3900
40	TTTCTGTAAA CGTTCAGAAC CAAAACGAAT CATTAAATCA TCTTGTAATG ATAAATAGAA	3960
	GCGACTATCC CCTTTATCAC CTTGACGTCC AGAACGACCA CGTAACTGGT CATCAATACG	4020
45	ACGAGATTCA TGTCGCTCTG TACCTATTAC TGCTAAACCG CCTAATTCCT CTACGCCTTC	4080
	ACCTAATTTG ATATCTGTAC CACGACCAGC CATGTTAGTG GCAATAGTAA CGGCACCTTT	4140
	TTGTCCAGCG CCTGCAACAA TTTTCTGCTT ACCTTCATGA TTTTTCGCAT TTAACACATC	4200
50	ATGACGGATA CCACGTTTTT TAAGTAAATT TGAAATATAT TCAGAAGTCT CAACTGCAAC	4260
	AGTACCTAAT AGCACTGGTT GCCCTGCCTT GTGTTTTTCA ACAACATCTT CTACTACTGC	4320

55

EP 0 786 519 A2

TTTATTTGTC GGAATTTGAG TTA CTGTCAT GTTATAAATA TTTCTAAATT CTTCTTCTTC 4440
 AGTTTTAGCT GTACCTGTCA TACCCGCAAG TTTATTGTAC ATTCTGAAAT AGTTTTGGAA 4500
 5 TGTAATAGAC GCCATAGTTT TAGATTCAIT TTGAATTTGA ACGCCTTCCT TCGCTTCAAT 4560
 AGCTTGGTGT AAACCTTCCG AGAAACGACG GCCTGGCATT GTACGTCCTG TAAATTGATC 4620
 GACAATTAAT ACTTCGCCAT CAACAACCAT ATAGTCTACG TCACGTTGTA ATGTAACGTG 4680
 10 CGCACGTAAA GCTGTGTGA TATGACTAAT AACATCAACA TTTTGTACAT CATATAAGTT 4740
 TTCAACTTTG AACATACGTT CAGCTTTATC CGCACCTTGT TCTGTTAAAT GTACAGCTTT 4800
 CGTTTTTTC TCGTATTTAT AATCTTCGTC CTGTTTTAAC ATTTTCGCAA AAACATTTGC 4860
 15 TTGTGTATAA AGTGACGTTG ACTTTTCAGC TTCACCAGAA ATAATTAATG GCGTACGTGC 4920
 CTCGTCGATT AAAATTGAGT CAACCTCATC AATGATTGCA AAATGTAATG GACGCATTAC 4980
 TCTATCTTCA GAATAATTCA CCATGTTATC TCGTAAGTAA TCAAAACCTA GCTCATTATT 5040
 20 AGTACTGTAA GTAATGTCTT GTGCGTATGC TTCACGTTTT TCTTCTGTCTG TCTTACTGTT 5100
 TAAGTTTAAT CCGACAGTCA AACCTAAGAA GTTATATAAC TCAGCCATTT CTTCACTTTG 5160
 AACACTTGAT AAGTATTCAT TGACTGTAAT AACGTGAACA CCTCTACCAG CTAATGCATT 5220
 25 TAAGTATGTT GGCATTGTCT CTGTTAATGT TTTACCTTCA CCTGTTCTCA TCTCAGCGAT 5280
 ATCACCTTTA TGAATTGCAA TACCACCCAT AATTTGAACT TTATATGGTG TCATATTGAA 5340
 30 TACACGTTTA GAGCCTTCTC TAACAAGTGC ATATGCTTCT GGTAAAATTT TATCTAAATA 5400
 ATCATTTTGC TTTTGTACAT TATCAATGTC AGCTAATTCT GTTTGGAATT GTTTCGTTTT 5460
 ATTACGAATT TCTTCATCAG TTAAAATTGC CGTTTTTCT TCTAAAGCGA TTACTTTATC 5520
 35 AGCAAGTTTA CCTAAGTGT TAATTTCTTT ATTATTGCCA TCAAGAATTT TTGATAAAAA 5580
 TCCCATTTTCG TTCGCTCCTT TAGCTAAAAA ACTGTTTGGC CTACAACAAT ATATCTTATC 5640
 ATTTATAGTT AGAAAATTAT ACTTATTTAC TCATTTGTAG AATCAATATA AATATATTTA 5700
 40 TGACATACTT CATTACATT CTGTTGTCAA CAAGTTTATC ACTAATAAAT ATATTCTCAA 5760
 TACGCAATTA TACTTCCTAA TAAATTATAT TATAAATATT TTACGATTTT CGACTCGGAC 5820
 TATACAATAG ACTGACATAC TATTATTAAC TTAACATTCA AATATATACA TCCATTAACA 5880
 45 TTAGCATAGT CACTATGTTT CATTCACCAA ATTACATTAT CGAACTATGA AATAGTCATA 5940
 ATTTGCTTTT GGAGTATAAA AAAGCACTTG TGCAAAAACA CAAGTGCTTT AAACCTAATT 6000
 50 TATTGTTTAC TAGTTTGAAT CAAGCCATAT TTACCGTCTT TACGGCGGTA AACGATACTT 6060
 GTTCCATCAG TTTCTCTGTC TGTGAATACA AAGAAGTCAT GACCTAATAG ATTCATTTGT 6120

55

ATCTCGTTAT CATCGTAAGC GTCATTATCA ACTTGTGTTT CTTGCATTTT TTGTAATTCG 6240
 GCAACAAACA CTTCTTGATC TCCTCGATCA CGGCTCTTAC GATTAATACG TGTTTTATAT 6300
 5 TTTGGAACCT GTCTTTCAAG TTTATTATTA ATTAAATCAA TACCTGCGTA TAAATCATCG 6360
 TTTGCTCTT CAGCTCTTAA CGTAACATTT TTCAATGGAA TTGTTACTTC AATTTTAGTA 6420
 GCTGAATTTG AATAAGTTTT AACTTTAACA TGCGCCACTG CATTGGTAC GTCATTAAAA 6480
 10 TAACGTTCCA ACTTACCAAT TTTTCCCKCA ATATAGTTGC GAATAGCATC TGTGATAGTG 6540
 AGGTTATCTC CATGAATTTT AAATCTAATC ATAGTAAATC TCTCCTTAAA CCTCTTTATn 6600
 GGA~~AACTC~~nT TATTATATTT AACATTTTTA CGCCAATCGT GCAAA 6645

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 260:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7430 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 260:

CAGTTCAGC ACATCTATTG GGGATCAACA AACTAGGGAA AATGCTAATT ATCAACGTGA 60
 AACCGGTGTT GACGAACAGC AACATACTGA AAATTTAACT AAGAACTTGC ATAATGATAA 120
 30 AACAAATATCA GAAGAAAATC ATCGTAAAAC AGATGATTTG AATAAAGATC AACTAAAGGA 180
 TGATAAAAAA TCATCGCTTA ATAATAAAAA TATTCAACGT GATACAACAA AAAATAACAA 240
 TGCTAATCCT AGCGATGTAA ATCAAGGGTT AGAACAGGCT ATTAATGATG GTAAACAAAG 300
 35 TAAAGTGGCG TCACAGCAAC AGTCAAAAGA GGCAGATAAT AGTCAAGATT CAAACGCTAA 360
 TAAC~~A~~ATCTA CCTTCACAAA GTCGAATAAA GGAAGCACCA TCATTAAATA AGTTAGATCA 420
 AAC~~A~~AGTCAA CGAGAAATTG TTAATGAGAC AGAAATAGAG AAAGTACAAC CACAACAAAA 480
 40 TAATCAAGCG AATGATAAAA TTAATACTA CAATTTTAAC AATGAACAAG AAGTGAAACC 540
 TCAAAAAGAC GAAAAACAC TATCAGTTTC AGATTTAAAA AACAATCAAA AATCACCAGT 600
 AGAACCAACA AAGGACAATG ACAAGAAAAA TGGATTAAAT TTATTAAAAA GTAGTGCAGT 660
 45 AGCAACGTTA CCAAACAAAG GGACAAAGGA ACTTACTGCA AAAGCGAAAG ATGATCAAAC 720
 GAATAAAGTT GCCAAACAAG GGCAGTATAA AAATCAGGAT CCTATCGTTT TAGTGCATGG 780
 50 TTTCAATGGG TTTACAGATG ATATTAATCC TTCAGTGTTA GCTCATTATT GGGGCGGTAA 840
 TAAAATGAAC ATTCGCCAAG ATTTAGAAGA AAATGGTTAC AAAGCTTATG AAGCAAGTAT 900

	TCGTGTAGAT TATGGTGCAG CACATGCAGC AAAATATGGA CATGAACGTT ATGGAAAAAC	1020
	ATACGAaGGA ATTTACAAAG ACTGGAAACC AGGACAGAAG GTACACCTAG TTGGACATAG	1080
5	TATGGGCGGT CAAACGATAC GTCAACTAGA AGAATTACTG CGTAATGGTA ATCGTGAAGA	1140
	AATAGAGTAT CAAAAGAAAC ATGGTGGcGA AATTTCTCCA CTATTCAAAG GTAATCATGA	1200
	CAATATGATT TCATCAATTA CTACTTTAGG AACACCACAT AATGGTACAC ACGCATCAGA	1260
10	TTTAGCTGGT AATGAAGCTT TAGTGAGACA AATCGTATTT GATATCGGTA AAATGTTTGG	1320
	TAATAAAAAT TCAAGAGTAG ACTTCGGGT GGCTCAATGG GGTCTAAAAC AGAAGCCAAA	1380
	TGAATCATAT ATTGATTATG TCAAACGCGT TAAACAATCT AATTTATGGA AATCAAAGA	1440
15	TAATGGATTT TACGATCTGA CGCGTGAGGG TGCAncAGAT TTAAATCGTA AAACGTCGTT	1500
	GAACCCTAAC ATTGTGTATA AAACATACAC TGGTGAAGCA ACGCACAAAG CATTAAATAG	1560
20	CGATAGACAA AAAGCAGACT TAAATATGTT TTTCCCATT GTGATTACTG GTAACCTAAT	1620
	CGGTAAAGCT ACTGAAAAAG AATGGCGAGA AAACGATGGT TTAGTATCCG TTATTTCTTC	1680
	TCAACATCCA TTAAATCAAG CTTATACAAA AGCGACAGAT AAAATTCAA AAGGCATTTG	1740
25	GCAAGTGACG CCTACAAAAC ATGATTGGGA TCATGTTGAC TTTGTAGGAC AAGACAGTTC	1800
	TGATACAGTG CGCACAAAGAG AAGAATTACA AGATTTTGG CATCATTTAG CAGACGATTT	1860
	AGTGAAAAC T GAAAAGCTGA CTGATACTAA GCAAGCATAA TTTATAAAGT AAAGGGAGGA	1920
30	ATTAATAATG ACTGCAGACT TCTTTCAATT AATCGGATCA TTATTTAGAA TTCTAAAAGA	1980
	ATTATTCAAG TAAAACATTG GCGAGGCCCC AACATAAGA ATTTCGAAAA GAAATTCTAC	2040
	AAACAATGCA AGTTGGCGGG GCCCCAACAA AGAAGCTGGC GGAAAGTCAG CTTACAATAA	2100
35	TGTGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAA GCTGGCGGAA AGTCAGGTTA CAATAATGTG	2160
	CAAGTTGGGG TGGGACGACG AAATAAATTT TGCGAAAATA TCATTTCTGT CCCACTCCCA	2220
	TTGGCATTTA CGAAGTTTAA ATGTGCAATT AGAATATATG TATAACAATA TTAAACACGC	2280
40	GGTAAAACGA AGTCAGTCAA TTCAAACCTGA TTTCGCCAC CGCGTGT TTT TAACATAGCT	2340
	TAATAATTAA TAAGCATTAA TGTTCAATTT ATATGGTTGT TTTCCAATAA TAAACCTAA	2400
	GATATAGAAT TCACGCAATA TCATGCCGAC ACCTATACAT AATCCTAAAA TGAATAGTAG	2460
45	TGATATCGCT AGAAAGACCA TTGTATTATC CTCAAATATA TTTGTATATG CAAACAATGA	2520
	GTCTAGAATG ATTGGATGTA ATAAATAAAT AAAGAATGAG AAAGCACTAA TCATTTGAAT	2580
50	CGTATTAAAT AACATTGTTT TAAATGCGT GCAAATACCC AAGATAACAA TAAACATAAT	2640
	ACTATTATAT GGTGTTAATG AATATGAAAA GCTGGTAACG TTCCAATAGT CTCCaTTTGT	2700

55

EP 0 786 519 A2

TCTAAGAAAT TTAATACACG TTCGTAGTTA TAACCCATAT ATGCACCTAA GAAGAAATAA 2820
 AAAATCCATC CGAATATTAT AGTATTTTCA CTTAATGGAT AATAGTGTAG CACGGTATCG 2880
 5 TGAAACGCTG TGTGTTCGT AAAGTAATAT AAAAATGATT GCTGTAAAAT AAAAGATAAC 2940
 AATAATAATA TTTTACTGTT GAATAGGTTA TAGTTAATTT TAAAAATGAT ATAACTCAAA 3000
 ATAAAGAATT GCATGATAAC AACGATAAAA TAGCCATACC ATTGACCTAA TAGGACATTT 3060
 10 TCAATGAATT GTTTATTGAA ACTTGAATCT GTTAATAATG ATTCACATA ACTGTAAAAC 3120
 AATCCCATTA ATATGTAAGG AATAAGTATA TATTTTACGC GTGTAGTTAA GTATCTATAG 3180
 GTGACTTTTT GGTAAATCAA GGTGTGTCAGT AACTGTGACA AGATAATAAA GCAAGGTGTA 3240
 15 CCAAAAATCA CAATATTACG AATGTAAAAT TGTAACACTA AGGATCCACC CTCCATATTT 3300
 TCATGTTTTA AAGTAATTTG TGTAAGTAAA TGTGTGATAA TAATAATTGC ACATATAATA 3360
 GCACGTAAAT ATACGAGTTC AAGTCTAATC TTTTTCATGG AATCCGTCCC ATCTCTTAAT 3420
 20 TAAATGCTCA AAAGCATCAT CACTAATTAA TATTCTAGGG ATGTAATAAT CATTGGAGTT 3480
 CGGAGTGACT GCTTTTTCTT CTAATGAAAA ACCGTATTTT AACCAGCTT TTTTGATTAC 3540
 25 CGGTAATTTA TCGTCATTCA TCAAGCCATA AGGATAGGCT ATAGTTTTCT GCGACTTTTT 3600
 AAAGTTTTTA GTTAGATATT TTTCACTTTT GTTTAAATCT TTTATGATTG TAGCTTCAGA 3660
 AGCTTTCATT AATTTTGACT TATTATTTTT AGATAAGTTA TGCAAATCGT GGGTATGTGT 3720
 30 TTCAAATTC CATAACCCAG TTTTATACAT TTCTTTTAGT TCTTTTTTAC TAATCATATC 3780
 GAGGTGTGA AAGTTTTCTT CCCCAACATG ACCTGTGATA ATAAACCCAG TTGCCGGTAT 3840
 TTTATATTTT TTTAAGATTG GATAAGCATT TTCATAATA GTTTCATCCA TATCATCAAA 3900
 35 GTTAATCCAT ACACTTCGTT TTGGAACTT ACCTTTTTTC TTGAAATATA AAAATTCTTT 3960
 CAAGTTAAA AATTTAGCAT CATGTGATTT TAGCCATTTT ATTTGAGATT CAAATTGTGA 4020
 TTGACTAACA CTATAATTTT TAATTTCTTT ACTACTAGAA AAGAAGTAAA TAAAATTATT 4080
 40 CAGAAAATTC GCTTTTCTTA CACGGTGATA ATTTAATGCC AGAGCACTAT TTTCTTTATA 4140
 TTTCAGTTTT TTAGGTGAAT CGTCATCTGC ATTTGCAATA TGATGACCAT CCAGTGTGCT 4200
 TACAGGCAAT ATGATCAAGA TACTCAACAC TAAAATTATA AATTTTCTAT ACTTCACGAT 4260
 45 TCTCTTCCTC TCTGCCATTT TTGAATCAAT ATGCTAATTG TAAAAAATAC AAAAATGATA 4320
 ATCGCGAAAA TGCCCATAGT TTCAAATATA TCTAAAATTT CAGTATTTTC AATGTTTAAA 4380
 50 GCAACACGTA TTGTATTGAT ACTTTCGTCA TGAATTTCAA ATATAGTACC AATATAAACG 4440
 AGTAGAACAA CTAACAATA TATCCAAAAG ACACAAGATA TAGCGATAAG TGCTGTTTCT 4500

55

TTGCGTAACC ACCTTTCTTA CGTTTTAATG CTTTTGGAAA TGCACAAGA ACTACTGCTG 4620
 CGTTAATAAT CCAGTATACT GTCGGATACC AACTTACAAA TATGAGTCCA GCCATATTCT 4680
 5 TTTTCTCGTA GCGACTATCA ATAAAGAGTG CGACTGTAAA TTGAATAACG TTTATAAAAG 4740
 TCATAGTAAA TGATGATAGT AGAAATATTG AAAAATAATA TGCATAAAT GTATAGTCTA 4800
 AGAAGTTTGC TGTATGAAC AAATAGCCTA AATATAGAAG CACTATATAT ACCCATAAAA 4860
 10 TCGAGATGAT TTGCTCAAAC ATCAAAATAT ATAAAGGAAA CCTTTTCGTT TTCATTGTGC 4920
 TAAAAAAGTC TCGTAGTAAT ACTTCGTGTC CCCCTTGAGC CCATCTCAGC CGTTGCTTCC 4980
 AAAGACCTCC CAATGTTTCT GGAACCAACA TCCAACACAT GGCAAGCGGT TCATACTTAA 5040
 15 TACGATATCC ACGTAAATGC AATTTCGAAG AAAGTCAAT ATCTTCGGTA ATCATATCAG 5100
 TATCCCAGTA GCCAACGTCG ACAACTGCAC TTTTMTTAAA TAGAGTGAAG ACACCCGAAA 5160
 TAGTATTGAC TGCGCCAGCA AGTGTCTGAC TtCGCTTAAT ACAGCCAATT AAAGTGCAT 5220
 20 ATTCTATCGT TTGAATTTTA CCTAAAATAG AACTCTTATT TCGAATTCTA GGATTACCTG 5280
 TAACTGCACC AAGTTTGGGA TCATGTTTGA AATTCTCAAT CATATAATAT GGTGCATCTT 5340
 GATCAACGAT AGTATCTGCA TCCAAGCACA TTACATAATC ATATGAAGCC TGTTTAATGC 5400
 25 CTTGATTGAG TGCCTTGGCT TTACCTCTGT TTTCTGTAA ATCGACGAAA ATAAAGTCAT 5460
 TATTTCTTTT GATTTTATAG ATGAGTTCTG CTGTATTATC TGAAGTTCCA TCATTAAATGA 5520
 30 TAATAATTTT TTTCTTCTCG TATTTGAGTG CAAGAACATT AGACAACGTA TCTTCAATCG 5580
 TTTCACTTTT GTTATAACAG GCAAGTAAAA ATGTAATGCC TTCTAATTCA TCCACATTTA 5640
 TGTCAAGCTT CTTGTTCAAT GAATATCTAA TTTCTCTGGT AAAATAGAAA TAAATTGAAC 5700
 35 CGACAATCCA GTAAATAGAC ATAAATACAG GATAAAAAAG CAAAAAGTTA AAAAATTGCA 5760
 ATTCTTTTAC CTACCTTTCG TTAGTTAGGT TGTAAGCCAT ATGGTAATTG ATAGTATTTT 5820
 AATTGCAAT AGATTGTTGT TATAATTAAA CGGAAATATT TGTAATTGCA ACTTAATTTT 5880
 40 CCTGTAACAT AGTGTGATTA ATTTTCAGTA GGGGGTTATA AAAATTGAAG GATAAGATTA 5940
 TTGATAACGC AATAACCTTA TTTTCAGAGA AGGGGTATGA CGGTACAACA CTTGATGATA 6000
 TAGCTAAAAG TGTAATATA AAGAAAGCGA GTTTATATTA CCATTTTGAC TCGAAAAAAA 6060
 45 GTATTTACGA ACAAAGTGT AAATGTTGTT TTGATTACCT TAATAATATT ATTATGATGA 6120
 ATCAAAATAA ATCGAACTAT TCAATTGATG CTTTATATCA ATTCTTATTT GAGTTTATTT 6180
 50 TCGACATCGA AGAAAGGTAT ATTAGAATGT ACGTTCAATT ATCTAATACG CCTGAGGAAT 6240
 TTTCTGAAA TATTTACGGA CAAATACAAG ATTTAAATCA ATCATTAAGT AAAGAGATAG 6300
 55

TGCTGTTTCT TGAAAGTTGG TATTTGAAAG CATCCTTTTC GCAAAAATTT GGAGCAGTGG 6420
 AAGAAAGTAA AAGTCAATTC AAAGATGAAG TGTATTCGCT ACTAAATATA TTTTGAAGA 6480
 5 AATAATTTT GTTACTAGTT TGTAAATAATT AACTTACTTT TGTAACAAAA GACATGAGAT 6540
 TATTTTTTTA AATCTATATA AAGTTGACAA TACAAATCGA TATTGAGAAT ATTAAGATGT 6600
 10 ATATGAATTT TATAAATTAA ATGCAATACA TTAATATAAA TATCAATTGT TGCAAAATAC 6660
 GATTTGTTCA ATGATTTGAT AATATTATTC TTTATATTTG TGAATGGTTA AGTTTGTCTT 6720
 TGAACATATT ATAAAAGTGT AATGTTCCCC TGAAAAGAAT AAGTTGTCAT CTAATTACAG 6780
 15 GAAATCCGCA TAAATTAGAT GAAATGGAAA GTAATAAGTA ATAATTTATT GATAAGCGCC 6840
 TATGTGATGG TAAATCATGA CATAGCGCT TTTTTTTATA AGTTAAAAAT GTAAATAAAA 6900
 ATTATATAAA TTACCCACAT CTTTTTAAAA GGTGTGGGCT TTATTATCAT TAACCCAACT 6960
 20 CACAGTGACG GGTTACGCAA GGTATTGAAT TACCGAGTAC GGGCAGCTC GGTGTTGTAA 7020
 AGAGCAAATA ATCAAGTAAT GATGATGCTT CTACTCGATT ATAAGAAAGC CATGATAGAG 7080
 TACGATGGTA TCTAGTTTTA TTATTAATAG GTTGGATAT TTAAAGTTGG ACAATATTAT 7140
 25 ATCTTGTGCA AAAATATAAA TAAGTTATAC ATAATGGTAG AGAATCATGA TATAATTTTA 7200
 AACGATAAAA TATTTATATA AATAATTAGA GaAAATGTAG TTGTGTATGT yTTGTGGtCG 7260
 TTAAACTAGA TATAATTGTC CGATTTATAA AACATACATA ATGAATACaA TGATTGATTA 7320
 30 TGTGGAGGAA ACCATGAmAG AmAAGTTTgA TTTAGTAAAA CTATTAAATA TTCTAAAGAA 7380
 GAATATTAAA TTATTGCTTA TTTTACCGGC AATATGTCTT GTAGTAAGTG 7430

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4082 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 261:

ATTGTACTC ATTATTTTTT CATATTCACA CAAATGATCT TGTTTATATT TAGCTAATTG 60
 ATTTTATCT AGCATTTTAT CCTCTGCTG AGTTTGTAAC CTTTAATAAT TTATTTTCTA 120
 50 TAAAACTTA GTATTCCAGT TGCTTATTAT ATCATTGATG AAAGGCTGAA ATAAAAACATA 180
 AACTGTTCCG ACCATTAACG CTGTAGCTAA AGATAAGTCT ACAAGTCCAC CTGTTTTAAA 240
 TTGAATCGGT GTCTTCACAT TAAACGGTAA gGAKnAAAAAT AATTTCACGC CTTTGGTGT 300

55

EP 0 786 519 A2

AGGCGTCTGA ATAATTTGCA ATAAAAATGC TATGATTGCG ATAAATAATA TTGAATGCGT 420
 AAAGGTTCTGA TGTCCAAAGA TCAATCTCAC AAAAAAACTA ATTACCTTAA ACCTTCTGCC 480
 5 AATCTTACTT TGAGTGTGAC ATATATCGGG TAATAAGCTA GCTAGAGTTG CTAGAATGAT 540
 AACCGTAACC GACGAAAAAA TATCCGTTTG AAAATATTGT GTTGTTAGCG CTCCAACGAG 600
 10 CATGCCGCAT GAAGCATGTG TTTTACCTGT CATATTTGTT CTCCTTTAAT ACTCACATTT 660
 TACCACATCC CTAACAAAAA CACGAACATA TTTTCGGGTT AAAATTCATT AGTATGACAC 720
 AATTTAAAAA AGTATCACAT AACTCTTGAA AACGATTACA AAATCGTTTA TGATGTATTT 780
 15 AAAAAATATT TAAAGGATGT GTTTGAATAA TGGCAATGAC AGTAAAAAAG GATAATAATG 840
 AAGTGCGTAT TCAATGGAGA GTTGCTGATA TCAAAATTC TACAAGTGAA ATTAATAATA 900
 TTACACAAGA CCAAGATATT CATGCAGTTC CTAAATTAGA CAGCAAAGAT GTATCTAGAA 960
 20 TCGGCTCAAC GTTTGGTAAA ACGAATCGCG TTATTATCGA TACTGAAGAC CACGAATACA 1020
 TTATTTATAC TCAAAATGAT CAAAAGGTTT ACAATGAATT AACTAAATAA ATTGTATAAA 1080
 AaAATCATT ATGGTGAGGG CTTCATGAAT GATTTTTTTA ATTGATTCAA CACCCAGCAT 1140
 25 AAACAAATAC AAAAGGACAA CTGTTCCCAT AATTTTAACA GTTGTCTTTT TTCACATATA 1200
 TTTATAACAA AAGATGTGCC ATCAAAGAAA TAATTGGTAG TGTAATGATT GTTCTAATCA 1260
 AGAAAATCAT AAACAATTTG CCGATGCTTA CAGGAATCTT CGAACCAAGT ATGACGCCAC 1320
 30 CTACTTCAGA CAAGTATATT AACTGCGATA TACTAAGTGC CCCAATAACA AAACGAGTTA 1380
 TATCATTTTG TACACCTTCA ATTAATATAG AAGGTAAAAA CATATCGGCA AAACCGATAA 1440
 35 TAATCGTTTG AGAAGCCTGT GCCGCTTCAG GTATTTGCAT TAACTCTAAA AATGGAACAA 1500
 AAGGTTTACC CAATATGACA AAAAAGGGCG TGTAGTTCGC AATAATGGTA GCAATAGTAC 1560
 CAATACTCAT TACTACAGGC AAAATAACAA ACCACATATC AATGACTGTT TTTAATCCTG 1620
 40 ACTTAAAAAA GTCAATAACG CCCGGTGCTT TAATACCTAC TTCTGTTGCA GTATCAAAGC 1680
 CATGTCTCAA TGCCGTCTTT CCTTCTGGCA ATGCCTCAGT ACGCGCACTT TCAGGTACCT 1740
 CCTTAGCATA CTCATCAGGA ATTTTATTTA AAGGCCAAAT TCTTGGCATA ATGACTGCTG 1800
 45 CAACGAGGCA GGATACTATC ACTGATAAAT AGAAAGCAAA AAATTGATTT TGCATGTGCA 1860
 CTGTTTCAGC AACTACAATT GCAAAGGTGA TAGAACTAC ACTAAATGTC GTTGAAATAA 1920
 50 CTGTTGCCTC ACGACGAGAA TAATATCCTT CACCATATTG TCTACTTGTA ATTAAGACAC 1980
 CAACAGTTCC GTCTCCAATA AATGATGCTA AATTATCTAC CGTCGAACGT CCTGGCAATG 2040
 TAAATAAAGG TCTCATAACC GGTCTAAAAA TAGGACCCAA CATCTCTAAC AAACCGTATT 2100

55

EP 0 786 519 A2

AACTTGAGAA CAATAATCCA CCCGTTTCAT CTGAGTAAAT AACCTTTGAA CCAATTCGTA 2220
 AAAATGTCAT CCATGCAAAA ACAACTGCTA ATATTCGTAA AATTAACCAA CCAATTCTAA 2280
 5 CGTTAAAAGC ATTGTTCAAT AGCCCGTCAG GTTTC AATTT ATCTTTTAAA ATAGTTGAAC 2340
 AAATCAGAGT TATGATACCC GATAAAGTAA TTATCGTCAC AATTAAAAAT GGCATTACGC 2400
 CACCTAATAC ATCTTTAAGC ACGCCTGCTA AAAATGCCAC GGGCAACGTT GTTTGCTTCT 2460
 10 GTCCATCTTG TTCGACTGGA ATTGGTACTA AAAATAATAA GATACCAATT AAAGACATCG 2520
 TAATAAACTT AAGTCTCCCA ATAACTATCT CTTTCCTTGA AAAGCTATCC ATAAAATCAA 2580
 TCCATTTCTC TATGTATTCTG TTTTAAGTAT ATACAGAATT CTATTCAGTT AACAAACATA 2640
 15 TTCCTTATCA TTCTATCTTT CAAAATGTTT ATGTATGCAA AATAATGAAT AATTACAGTT 2700
 ATTAAATATA CGCTATTTCT TGTAATTTTT CAAGATGAAT TCAAAAAAGG TTAAGTACAA 2760
 20 TTRACTGATTT CGTACTTAAC CTTTTTTAAA CTCTAATCAT ATGTTAGTTA TTTCAATTCTT 2820
 CGTAATAATA TTAAGAAGTA TGGTGCACCG ATAATTGCAA TGATAACCCC AACAGGAATA 2880
 TCCAGTGGCG GATGAATGCC ACGGGCTAAA CCATCTCCAA ATGTTAACAA TATAGCACCA 2940
 25 ATTAACCCCG ACATGATAAT AACGTGTAAT GTTTTATTTT CTATTAATTG TCTCGCAATA 3000
 TGAGGTGCAA TTAATCCTAA AAAGCTAATA CCACCGACAA CTGAAATTGC GGATCCTGCT 3060
 AATATTACTG CTAAAATTAA CAATAGCATT TTAATAGTTT TAACTTTTAA ACCGAGTGCG 3120
 30 GTTGCAACAG CATCACCTAG ATTCAATACA TCTAATTGAT AACTCAATAA AATGATGATT 3180
 GGTATCGTTA TAAAAACCA AGGTAATATA GTATAAATAT TCGACATATC ATGTCCATAT 3240
 AGACTACCTG TCAACCAAAC AAGCGCTTTG TTTGCTTCCA GTGGATTTCT GATTAATAAG 3300
 35 AACTGCACAA TCGCCGTACA TATTGCGCCT ATTGCTAAAC CAATTAAGGC AAGCTTTGAA 3360
 CCTTAAACAT CATATTTTGA AATTAAAAAT GATAAAAATA AACTTACTGC AAAGGCACCT 3420
 40 AAGAATGAAC CTATAGGTAA TACAAACAAT GGTGCTGTTG GAAAGGTCAT AATAATAATC 3480
 ACAGCAGCTA AACTGGCACC TTTAGAAATA CCTATAACAT CAGGTGAGGC TAACGGGTTT 3540
 CTTATTACAG CTTGTATAAT TGCACCTGAA ATAGCCAAGC TACTACCGAT AATAATACCA 3600
 45 AGTAATGTTT TAGGTATACG ATACTCATTT AAAATAAAAT CATCTTGTGT AAAGATTCCC 3660
 TTAATAGCAT CAATCGGATG AATCATGACA GACCCTACAC ATAAACTTAT GAATATACTC 3720
 ACAATTAAAA GGATTGTGAT TAACTATAA CGACGTATAA TTTTCGTTGT CATCATATTC 3780
 50 TTTTACCCC TTAAATCGTT ATAAATAAGA AGTAAAGTGC ACCTACGAAT GATGTAACAA 3840
 TCCCTACTGG TGATTCATAA GGATATGTAA TTAAACGACT TAATACATCT GATAGTAGTA 3900

55

AGCGTTTGAC TATATGCGGT ACGATTAAGC CAACAAATCC AATTGGTCCT GCCACTGACA 4020
 CCGACATACC TGTAAGAATA ATGACTAATA GTCCAATGAT AATTCTAACT TTATTTATAT 4080
 5 TT 4082

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 262:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1145 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 262:

TATTAGAAGG TCGTTCGGAT GAACAATTAA AAAATTTAGT TAGCGAAGTA ACTGACGCCG 60
 20 TAGAAAAAAC AACGGGGGCA AATAGACAAG CAATTCACGT TGTATAGAA GAAATGAAAC 120
 CAAACCATTA TGGTGTGGCT GCGTAAGAA AGTCAGATCA ATAATTCTTC ATAAGATGCA 180
 TGCCAATTAA TTCTTTGAAA ACGAACAAGG CGACTTCTAT CTGaGTATGA TAGAAATCGC 240
 25 CTTGTTTATT TTTAATCTTC ATCTAAAAAG TCTTTAATAG CTTGTTTATT TGTGTTTTTA 300
 TTAATCTGTA ATGCACTACC ATCAGTATTT GTATTGACAT CyTCGTATGA GTTCTTGATT 360
 GGCaCAGTCA ATGACTTAAC ATCTTTTTCA CCTCGGATAC CaAAACTCAA ACCTGTTTGG 420
 30 AAAATCCCTG AATCAGGAAT GTTTGTATTC ACATAGCCTC TTAATAATACC TGCAACTTTT 480
 GGTAAATTAA CAACTGTCT AAAATTAACC ATTTCTTTTT TCAATGTTTG CATCACTGT 540
 35 TGCTGACGTC GCACGCGTCC GAAGTCACCT TCAGGGTCGT GACGGAATCT TGCATAACCA 600
 AGTAATTCIT TACCATTCAA CCTATGGTTA CCCTTTTTCA AAGATACACC AATATTTTTT 660
 GACATATCTT TTTGACATT AATTGGTACA CCTTCAGGCA TTAATTCATC AATCATTTTC 720
 40 TCAAATCCAG TAAAATCAAC TACTGCATAA TATTCAGGAT TAATTCCTAA ATTTTATCA 780
 AGTGTTTTTT TAAGTAGCTC TGGACCACCT AAAGCGTATG CTGAATTAAT TTTGTGTTTT 840
 CCATATCCTG GAATATCTGC ATAAATATCA CGCATGACAG ACATCATTTT CATCTTTTFA 900
 45 TTGATAAAGT CATATTGAAC AACCATGATA GAATCTGTTC TTGATTGTCC ACCTGTGCT 960
 TTATCTGCAC CGAGTACAAG AATAGAAATT nTACCATCAT TTTTACTGG TCCATTAAAT 1020
 50 TGATGTACTT TAACATCTTT CGCATGTTTC TTGGCATATT CTACACCGCT ATTGTAECTA 1080
 TGTACAATAT ATACAACTAA TGCCGATAAG TAAAATTACA ACAATCAGAA GAATGATAGG 1140
 TAATT 1145

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7075 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 263:

10 TATGGCTCAT CATTAAATGCA CGTATCGGGT AGCGTTTACC ATTGATAAGT GCTTCATGTT 60
 TAGCACGAGT TCTTAAATTT CCATCGCCAT AACCGATATC AACTACAGCT AATTTTGTAT 120
 15 TGTTTTtagt CACTTCAAAG GCAAAGCTAT AACCGCAATA ATCACCAGCT TGTACTTCGC 180
 GCACTTGAAT AACATGTGCT TTTAAAGTTA ATGACTGAAC TATATCATGT TGATTCAGTG 240
 AACTATATGG TCTTGAACCG TATAACGCAA TACCTACACG CGCATGTGTA TGGTGGGGTA 300
 20 GTAATayyyg TCCTTCCCGA TAAAACTCG CACTATTTTG AGCATGGATT AGGTCGAACT 360
 GATAACCTTC AGATAAAAGT GCTTCAACAA TTTCCATCCA TTGTGAACGT TCAACATTAT 420
 AAtCTGACAC ATCGAATTCA TCAGCATATC CAAAATGGGk CCATAAACCA CTAATAATCA 480
 25 TTTTTCATT TTGATTATGA TGGTGATCTT TCAATACTTC TTTAATTTCG TTTAAATCTT 540
 TAAATCCAGA CCGATGTAAT AAATTTTCAA ATTCTAAGTG AACATGAATA CCAGCTAAAT 600
 CATTTTTATG GTTATAGTAA TATGTCAACG ACGGCAAAGT CATGTGTATT TGATGTTTAC 660
 30 GGACTAAATC AAACCTCGTAA ACTGCATTCA TTAAAAAGAT TGTTCATCTT GGAGCAAGTT 720
 GTCTAATTG AATTGCTTCT CGTAGTGATG TTGTGCTAAA TGTATCTATA CCTGCATGGA 780
 TAAACTGAGT TACAGCAAAT TCTAGGTCAT AGTGATATGC ATTaTTTTTA ACAACTGCCA 840
 35 TTAATGGCTG ATTGTTTTTG ACTGTGATTG CATTTTGTAA AAATATTTTC TTATTTACAG 900
 ACCATGTTGC TGTCAATGTA TTACACCTCT TTGTAATTAT TTAATAAATT TTCGTAAAAA 960
 40 TTAACCACGT TTATTAACAC TTTTTCATCA AAATTTAAAT GTGATGTGTG CAAACCAGTT 1020
 ACAAAACCTT TATCTTCATT TCGTGTTCCT ATAAAAACAA AGTAAGCTGG AGCTAGTTGT 1080
 TGACCATAAA AACTAAAATC TTCCCCAAAT AAGAATGGCG TTGGTTTGTC ATAGACATTT 1140
 45 AAATCAGCTT TTATTAAGGC GTCCTCTATT TGAGTACGTA ATTTCCGACT ATTGATTGTA 1200
 GGGGGATAAC CTCTGCAAA TTAACTTCA CAATCTACAT TAAACAGAAG CTTGACACTT 1260
 TCTGCTATCT TGTGCATTTG ATTTTAAACG ATTGTTAAAT CATCAATATC ATATGTACGA 1320
 50 ATAGTACCTT CTAAATAGCC ATTACTGGT ACAGTGTTAA TCGCTTCACC AGCTTTAAAA 1380
 TGACCAATAT GAACAATATT TCGTTTCAAA CCGTTAAGGT GAAATTGTTG AATTTGTGAT 1440

	ACATGACTTG ACAGGCCTGT TAAGAAAAAG CGATACTCTG TTGCGCTGGC CGTAATTTCT	1560
	TCATCTCTTA TCACTGCAAT GCCTTCATCA GCAAATGGGT TAACATGAAT ACCAAATACC	1620
5	GCTTCAATTG GATACTTATC AAAGGCACCG GCTTTTATTA ATCGATTTGC ACCGCCACCA	1680
	GTTTCTTCTG CAGGTTGGAA AATGAAAACG ACATTTTGCG GTAATTGACC TGCATCTTGC	1740
10	ATGTCTTTGC AACGTTGTAC AAAAAGCATT AATGCAGTTG TATGACCATC ATGTCCACAA	1800
	GCATGCATCA CATGATCAGA TTGACTGCGA TAAGGCACAT CATTTCCTC TAAAATAGGT	1860
	AACGCATCAA TATCAGCTCT ATACGCTATC GTATGTGAGC CATTACCTTC TAAGTATGCA	1920
15	ATGACGCCAG TTTCCAATGG GCAATCGTAT TTAATATTTA AACTATCTAA AAACGCTTTA	1980
	ATATAAGCAG TTGTTTCAAA TTCATGTAAG CTTAATTCAG GATGTTGATG TAAATGACGG	2040
	CGATGTTTCG TAACAAATTC TAATTCATTC ATAATTATCA ATCCTTTGTG TTAAATTACT	2100
20	ATATAAATAG TGTAACGtAT TTCGAAATTT GTGATCATAA GTTTATTCAA TGCTAAACAA	2160
	TAAGGTTGAG ACATAATCGT ATCTCAACCT TGAAATTATT ATACGTTGAC GTCAGTAGTC	2220
	ATTCAGTTTT CTTAATGCTG CTACAATCTC TTTTTTAGTA TCTTGACTT CAGAAGCTTG	2280
25	CTTAATCACT TTTGCAGGTG TACCAGCAAC AACTGCACCA GCTGGTACAT CTTGTGTCAC	2340
	AATCGCGCCA GCTGcAACAA TAGCACCTTT ACCAACACGT ACACCTTCTA AAATAACTGC	2400
30	ATTTGCACCG ATTAATACAT CATCCTCGAT TATAACCGGT GAAGCACTAG GGGGTTCAAT	2460
	CACACCTGCT AATACTGCGC CAGCCCcTAC ATGTACATTT TTACCAGTTG TAGCACGACC	2520
	ACCGAGAGTA GCATTCATAT CAATCATTGT ACCTTCGCCA ACGACTGCGC CAATATTAAT	2580
35	TGTTGCGCCC ATCATAACGA CAGCACCATC TTCAATAATG GCTTGTCTC TAATAAACGC	2640
	ACCTGGTTCA ATTCGTGCAT TCGTATTTGT TAAGTCTTTT AATGGAATAG CAGAATTGCG	2700
	ACGAfCCATT TCAATTTCTA TATCTTCGAA TTGACTACCA TATGCTTCGT AAAAAGGTTT	2760
40	CCAATCATCC GCTTCACAAA AGATTACTTT AGATTGTCTT GAACCAAATA CTTTAAAACT	2820
	TTCTGGATAT GTGATGCCTT CAAAATTACC ATTTAAATAT ACTTTTATTG GTGTAGACTT	2880
	TTTAGCATCA CTTATATATT GAATAATTC TTCAGCTGTT AAATGTTGTA CCATAAAATA	2940
45	ATCGATCTCC TTTAATATGT TTATAAGTTG TCAAACGTAT AAAAGCCGTT TGGTTTATTA	3000
	ACTAAGCGTT CTGCTGCTTG TATTGCACCA TTCGCAAAAA TATCTTTTGA TTGTGCACGA	3060
50	TGCGTGATTT GAATCGTTTC ATCAGTGCCA GCAAATAGAA CTTCATGTTC ACCGACAATC	3120
	GTACCTCCAC GAATAGAATG TATACCAATA TCTTGTGGCT GGCCTTTTTC ATTTAATTCA	3180
	TGTCTATCAT ACACAGGTGT TACATTTTCT TTCAAAGATA CGATCACATC ATACAATTTT	3240

55

TCGAAATCAT CAAGTAGGGG AACAGCAGCT GCTAAAAATTT TAGTCAATGC ATGAACGCCA 3360
 TAACTCATGT TCGCGCTGAA AAACACAGGC ATATTTTGAC TCAATTCATC TAACTTATTA 3420
 5 AGTAGTTTTT CTTTCTCGnC CAGTgTTGCC ACAACTAATG GCAAATGAAA ATCTTCATCT 3480
 AATAAAGGGA AAAGCAGATT TGGATTTGAA AAATCTATTG CAACATCGGC ACCTTTAACA 3540
 TCTGCAATAT GTTGATATTG TTGATATGGC GTTGTTGCTT TCGGTGTATT TTCAATGACC 3600
 10 CCAACGATTT CATGTCCTTT TTCTTCTGCT AATCTAGCAA CGCGTTGATT CATTGCGCCA 3660
 TAGCCAATTA GTAATATTTT CACTCATTTT CACCCGCTTT AAATGTGTCA TATGTTTCAC 3720
 GAAGCACTTT AGTATCTGTA TCTTCTAGGC TAACCAATGG TAGACGTAAT TCATAATTTT 3780
 CAAATCCTAA ATAAC TTGTT AGAGCTTTAA TAGGAATTGG GTTAATATCA ACTGATAAAG 3840
 CTGATAACAG TGTGCCGATT GGTTTAAATT GATCTTGAAT ATCTAATCCA CTTTGTGAG 3900
 20 CATCGTATAA CGCTTGAAAT TCTTTAGGAA TGACATTGGC AATAACAGAG ATAACCCCTT 3960
 GACCGCCACG TTGATAGTAT TCGACGACGT TGTCAATCATT GCCACTATAT AATGCAAATG 4020
 AATTTGTATC AATGCGCTTT TTCAC TTCTT CTAAATACTC AAAATCATTC GTAGCATCTT 4080
 25 TTAAAGCAAC TATATAAGGA TGTTGACTTA ATATTTCTAC AGTTTCTGGT TCAATTGTCA 4140
 TGTTCGTTCT TGAAGGAACA TTGTACAGCA CGACTGGTAA TTTCACAGCA TCTGCAATCG 4200
 CTTCAAAGTG TTTGACTAAA CCACGTTGGT TCGTTTTGTT GTAGTAGGGC GTAATTAACA 4260
 TAATTGCATC AGCCCCTAAG GCTTTAGCTT GGATTGAAGC TTGGATTGAC TTTTCAGTAT 4320
 CATTAGTGCC AGTTCTCTGT ATGACAGGAA CACGTTTATC TACAAGATCA ATAAC TTGTT 4380
 35 TTAGAATGCG TTCTTTTTCA TCTGTTGTTA AAGTAGGGCT CTCAGCAGTA GTTCCATTAA 4440
 CGATGATTGC TTGGGCATTA TTTTCTAGTA AAAAATTAAC GTGTGTTTTT AAAGCTTCAA 4500
 TATTAACTTT GTTATTTGTA AAAGGGGTTG TAAGTGCaAC sCCAACACCC TCAAATAAAT 4560
 40 GTGTCATTTT AATTCGCTCC TTTTAAACGC ATAAC TTGTT CCAATACTTG TACAGCATTT 4620
 AATGCAGCAC CTTTTAATAA ATTGTCTGAT GTACACCATA CATGGAAAGT ATTTTCTAAT 4680
 GAATCATCTC TACGTATACG GCCAACAAAC ACTTCATCTT TATTAGTAGA ATTGATTGCC 4740
 45 ATTGGATATT CATTTGTTCTC TGGATTGTCT ACTAAAACAA CGCGGTCATC TTGATCAAAT 4800
 AACGCTTTAA TATCTTCTGC TGTGTTTCT TTGTCAAGCG TTACATCAAT TTCAACACTA 4860
 TGAATATCTT GAACAGGCAC ACGTGCGCAT GTTGCTGTTA CTTTTAAGTC TGGCGCATTT 4920
 50 AAAATTTTTT TCGTCTCATC AATCATTTTT TGTCTTCTT TTGTATATCC GTTTTCTAAA 4980
 AACACATCAA TATGCGGTAA CACATTATTA TAAATTGGAT GTGGATATGC TTCTGGTGCT 5040

55

	TGATATGTTG TATATGCCAC TCGTTTTAAA CCATAAGCAT CTTGCAATAC TTTTAGAGGT	5160
	ACAACAGATT GAATCGTAGA GCAGTTTGGA TTGGCAATGA TACCTCTTGT AAATGTAGGT	5220
5	TCATTGACTT CCGGAACGAT TAAATCAATA TCTTCTGCCA TACGCCATTG ACTTGAATTG	5280
	TCTATAACGA TTGCACCAGC TTTTTCAAAA AGTGGGGCAA AGTGTTGCT TGTACCGCCA	5340
10	CCAGCACTCA TTAATACATA ATCGAAATGT TCACTTGCAC GAGCATCAGT TAATTCTTGA	5400
	ACTGTATATG TTTTTCCTTG AAATTCAACT TCTTGCCCTG CAGAACGTGC TGATGAAAAT	5460
	AATACTAATT CATCGAAAGG AATATTTTTA CGATTTAATG TCTCCAACAT TTTTGTACCT	5520
15	ACTAATCCTG TTGCACCCAC AACTGCTAAC TTGTGCATAA CTTGTCACTC CATTTTATAA	5580
	TAATTTCCaA TTTTLAGAAT ATTTTAACAA TCATTTTACC ATTAAATGTT AAATGCGTCA	5640
	TATAGTTTTT CTACCGCTTG TTGCCCATTA AAATCATCAA TGACGTATGA AATACTTATT	5700
20	TCAGATGTTG TTGTTTGGA GAAAGGTATA TTATTTTCAA TTAATGTCAA AAATGCTTTT	5760
	GATGCCACAC CTGACATATC ACGCATGCCT GAGCCAATTA ATGAAATTTT GACATAATGC	5820
	TCATTGATTT TATAAGCTAA TGCTTCATAT TGATTCTTTA ATGTTTCAAG AATCATAGAA	5880
25	ATTTGATGAA AATCACTATC TTTAATCGTG AAGGATAGTT GTAGCCCATC CAAGTTGACG	5940
	ATTTGTGAAA TCATATCAAC ATTTACAGCA CCTTCTTCAA GTTCCGTAAA TAGTTGGGTA	6000
30	AGTAGCTGAT TGTCAAGTAG GGGATAACTA ATTGTTACAT GCATCATATG TTTATCCAAA	6060
	GCCACACCAG TAACTGCTTT TTTCTCTAAT ATTTCTTCAT TTGACATAAT CCATGTTCTT	6120
	TTCACGTTTG ATAAAGTTTT TCCTAAATAT AAAGGGATAT TATAGTTTTT AGCTAATTCA	6180
35	ACACTTCTTG TTTCAAGTAC ACCAGCACCT AAAGCGCTCA TTTCCATCAT TTCTTCATAT	6240
	GAGACGATGT CTAGTCGTTT AGCCTTTGGT AAAAGTCTTG GGTCAAGTGC ATACACACCA	6300
	TCAACGTCGG TATAAATTTT ACAAGGTATT TGATTACTAA CAGCAAGTGC CACAGCGGTC	6360
40	GTATCAGAAC CACCTCTGCC TAAAGTTGTT AATTCCTGAT GTTCATTGAT GCCTTGAAAT	6420
	CCAGCAACTA CTAAATATC GTTTTCTTGA AAGGCTTGTT CAAATGTTTG AGGATTAATT	6480
	TGAGCAATTT TACTTTTAA ATGATGGCCA ATGGTTTTAA TACCCGCTTG ATAGCCAGTC	6540
45	ATTGCTTTGG CATTCAATAC GATATCATTT AATACCATTG ATAAATAAGA TACAGTTTGT	6600
	TGCTCTCCGG TTGTCAATAA TAATGCCAGT TCTTGTTGTT TTGGTGCTTT AGTCAAGGTT	6660
50	GATACATTCG TCATTAATTG ATCTGTTGTG TTACCCATAG CACTTACAAC GACAATTAAa	6720
	TTGTTTCATCT TGATTGACTC GCTCCTTTAA CATTTCAGCG ATCCTTTTTA TTTTGTAAa	6780
55	ATCACTGACG GATGATCCGC CAAATTTCAA CAACTTCTT GTTACCATAT AATCCTCCTA	6840

TAATCTATAT ACAAGTGATG CACTCCATTA TTTTAAATA ATGACAAACT CTCAGCTCTT 6960
 AACCAAAAAG TCCAACAAAT TATAACTGCT ATTATAATTG CTTCCGGCATC GCACCCCTTC 7020
 5 AAATTTAGCT GTTAGCAGAC AGTAATCTAa ACTTTACTCA TGATTGATGC GCCTC 7075

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5171 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 264:

AGACGTA CTT TGTGATTmCG AAGyrCGTAC TGmAGCACTT GTCGACGTTG ATGTACTTGT 60
 20 TGAACCTGAT TGACTAGTAC TTTGTGATAA TGACTTACTA TCAGAATCAG ATGTACTTTG 120
 TGAATCACTT AATGATTCTG ATGTACTACC TGACTGAGAC GTGCTCATTG AACTACTTAC 180
 GGACATTGAT TTA CTGTCTG ATGCAGATAA TGACCCACTT GTACTGATAG AGTCACTTAC 240
 25 TATCTCTGAA GTACTCATCG AGTCTGATGT ACTTGTTGAG ACACTTTGTG ATGCTGCTAT 300
 GCTTAGTGAT CCAGAAACAG AACCACTTGT GCTCGTCGAA TCGCTCAATG ATTCTGATGT 360
 ACTCATCGAT TTTGAATCAC TTGTACTTAA TGATATTGAT GTACTTTGTG AATCTGATTT 420
 30 GCTTGTTGAC GCACTTTGAG AGTTGGCTAT GCTATTTGAA ATACTGATAG AGTCCGAGGT 480
 GCTAGCTGAC TCGCTCAATG ATGTTGATGT ACTAATTGCA TTCGATGTAC TGCTACTTAA 540
 35 TGATGCTGAT GTACTAGACG ACCCTGATAT ACTCGTTGAT AAGCTTTGTG ACTTAGACAA 600
 GCTTCCTGAT GTACTCATAC TTAATGAGTC ACTGAGTGAT GTTGATGTAC GCAATGAATC 660
 AGATSTACTT GTTGATAGAC TTTCCGATTT TTCAGTACTG CTAGAGTTTG AAATAGAATC 720
 40 GCTTAATGAT GTTGATTTAC TAGCTGAATC CGACATGCTT GATGATACAC TTTGTGAATT 780
 CACTAAACTT GTGCTTGTTG AGCTTGATAC ACTATTACTT TCAGATGTGC TTAATGACTT 840
 AGATGCACTC ACAGAATCAG ATAGGCTTAC ACTTGTCGAT TTCGAGGTAC TAGCTGATGT 900
 45 AGATAACCACA ATCGATCCTG ATGTACTCGT TGATGCACTT TGTGAGTCAG CTTTACTTGT 960
 TGACACACTT TGAGATTGTT GTGTACTTCC TGATGTTGAT ACGGAATCAC TCATGCTATT 1020
 TCTTGTTACT TCATATTTAA AAGTTGTCGT CGTTTTGTGA CCGCTCGCAT CTGTAGAAAC 1080
 50 GATTGATATA GTACTTGTAC CAATGTTTGT TGGTGATACCA CTAATAGTAT TATTTGTACT 1140
 ATCAAATGTT AGTCCGGATG GCAATCCAGT CACTGTATTTC GTCACCGCAT TTCCACTGTT 1200

EP 0 786 519 A2

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

ATTGGTGTCA CTGTTGGTGC TGTCGTATCC ACAACATTTA TTGTAAAAGT TGTCGTGAT 1320
 TTGTTATTTG CTGGTCACT AGACACAACCT GTCACGTGTTG ATTGACCAAT TTTTGTGGT 1380
 GTCCCAATGA TTGAATTCGT TGCACTATCG TAACTTAATC CGCTTGGTAA TCCTGTAACCT 1440
 GTATTGTGCA CAGTCCCAGT ACCATTATCC GTTGTAGTCA ATACAATAGG ATTCATTGTT 1500
 TTACCCACTT CTATGGTTTG ATTGCCTACA GTTACAGTTG GTGCTTTTAC ATCAGTAAAA 1560
 TAATATGTCA CTGATTGTCC AGCATTTCGT ATTTTACAG TTTTATTGT ATCATTATAA 1620
 GTTGACGCAT ATGAACTATC GACGGACGTG TAGTTATATC CTTTAGCAGT CAATGCAGAT 1680
 TGCTGaTTAT CGATTGTCAC GACTTGATCA ACATTTCTTG AATATGTTTT TGGTGGAATA 1740
 ATATCTTTAC CTGTTGTTAC ATCAACGTAT CTCACTTGTG TAnCAGCAGA CTCTGTATAT 1800
 TCGAATGTTT CAAATGTAC TTGTTGTAAA TTTGTGCGGC CACCTGTTGA GGCTGTCATT 1860
 GATAATGAAA AGTTGGTCGT ACCACTTTTC GCAATCCAAT CTGAAATATT ACGTGTCCAT 1920
 GTTTGACCTG CATATTTGAC AGTCATAACC TTTGTATCAC CATTATAGTT AATATCAAAA 1980
 TCTTGGaACG TGTATTTGT AGGTTGaACA TTAACTTCG CAGCATTATC AGCTGTTGAA 2040
 CTTGATGTAT ACGTTGTCGC AACACCATAA CTATCTGTTG TTACAAATGC ACCAAACGCA 2100
 CCTCCACCAG CTACATTAGA TGGGTCAGCA TTCGCCTTTG CAGCTGAATT TGGTTTAGAT 2160
 GTATTGTGAT ACGTATCCAA TTGAAGCCA AATGCGTTAC TTAAGCCACC AATACCTACT 2220
 GCGGCACCGT TTAACCTGT TTCACCTAAT ACACCTGGTG AAAAGGCAAA ACCGATACCA 2280
 TCTCCACCAT TTCCATGCCC TTCATATTTG TTACCTAAAT TTAATTTTCC AGAAAAATGA 2340
 AAACCTCTAT TAGAGTCAAT ACGTGTTCCT AATGTAATAG CACCTTTTTG GCTGTATGCA 2400
 TCCTGTGTTA ACGTCACAAT ACCGGTACTT TGATCATAGG TAGCATTACC TGACGTTGTC 2460
 ATATATTGTT TTAAGTTATC TTTATTAACCT GTAATTGTAT TAGCAGTTAC TGCGGTTGTC 2520
 GTCgCTGctG ACGCAAATGT TGACATAGCT AAGCGACTGA AAGTTCGAAG TTTTACTGGT 2580
 GCGGTGCTAG TTGACGTTGT GCTAGTTTTG TTTAAGTTGA CCGAAGATGG CGTTGTGCTT 2640
 TGTGAAGTGT TATTGTATGC AGTACTTTGA TTTGTTGATG TATTAATTGG TTGTTCTGTA 2700
 CTTGAAGTTG AAGCTACAGA TTTAGTATCA GAACTTGATG TAGTATTCTT TGAGGATGTT 2760
 GATTCTGATG TAGATGTCAA TTTCTCTTGT TGATTGCTTG TACTATTAGT TGTCGAAGTG 2820
 ACCTTTTCAG ACTTTTCACT TGAGACTGTG TCACTATTTG ATGTTTGTAC CGAACTACTA 2880
 TTTtTCGTTA CACTGTGGA ATCGGCTGTT GATGTTGATG CTTGATTGT CGTTGAGTTT 2940
 TGATTACCTA CTGTTTCACT TTGTGTGTTT AATTCAGAAG TTAATGGTGC ATCAGAAGCC 3000

	GTTCAGTC CGTATCCCGT CATTTTTTTT CTAATGCTTT GATTATCTTG ACTCACTAAA	3120
	CTATGACTAA TAAATGGTAG CCCCATAAAT TTGAACATTT CTATTCTTTT AATCCGGAT	3180
5	TTTACCCAAT TTTTCCAGA TTTATAAAGT CTTACTCTTG TTTTTCGTT TGCTAAGCTG	3240
	TCATGAAATG CTTTCTGTCT TTTACTCATG TAATAACTCC TTGTATTATC TTTACATTCA	3300
10	TTAGATTATA ATATATGCCA CTATTCAATT TAATACAACT CTTTTTGAT AAAAAATAC	3360
	TCATTTTGTT AAAATTTGTA AAAATTCaTT TTTATTCGTC TAAATGTAAT CGTTTTCATA	3420
	TTTTTAAAT TACTTTTTCT CGTTTATGCG TATAATCTTT TTTTATATAA ATTTGGCTAA	3480
15	TTGGCTTTAT GTTTAATCAT TATAATTGTT TCGTTTTTAA AATAATTATT GTATTAATAT	3540
	ATCTATACCA TCCACCTTTT ATTTATAAAT AGTTAATTIA CAACTAAACG ATAAATATTA	3600
	TATGCAAAT ACATCTTTAA TATTAAAGTA ATACCAATAT TTTTCAATA AACCTAGTGT	3660
20	AATATATGTG TAATTCTAAA AGATTCTTCT TTAATAATAT AAATACCACG ACATATTGCT	3720
	TTAACATTTT CATTTATAAA GCGAAAAAAT GCATCGCTAC TAAGTTGAAT GTTTAGTAAG	3780
	GATGCATTGA ATTCACTAAA ATGATTAAAT TACTTATATC TTTTCATCTG ATTGATTATC	3840
25	GAAATTTCTT CCTTCTAAAC CTGCTAACTC TTCTTTAGAA GCTGCAGGTG CTTTCATTTC	3900
	AAATATCTCA TTAATACTG TGTAATCGTA ATATCCTAAT CTGGCAATAG GTTTAATCGA	3960
30	CTTAATGTCC AATTTACCAT TATCAAGAAT AACCTTATCG TCAATATGAA CTTGGGCAAC	4020
	TCTTCCTATA ACAATATCTA CGGTAGATAC TGGATCTCCA GTTGAATAC GAATCGTTTG	4080
	AACGTACTCA CATTCAAAT GAAGTGGCGA TTCTTTTACA CGATATCCTG GAGCTTCTAT	4140
35	ACATTTTCC TTGTTACAC CTGCAAAAT AAATTCATCC TCTTCTGGTG GCAATGCTTT	4200
	CGATGATAAA TAACTGCTT CTCTTAAATC ATACGTTGCC ATATTCCACA CAAACCAACC	4260
	TGTCTCTTCA GCATTTTCA CTGTATCTTT ACGTTCGTGA TCACCAAGAA CGGATTGATT	4320
40	TGCTGCGAAC ATAACCATAG GCGGATCCCA AGTTAAGTTT TGATACTGAC TATAAGGCGC	4380
	TAAATTATCT TTCCCATCTT TCGATACAGT AGAGATCCAC CCTATTGGAC GTGGTACTGT	4440
	ACTACTTTTA AATGGGTCGT GCGGTAAACC ATGACTTCTT ACACCTTGTT TTGGCGAATA	4500
45	ATTCATACTA TCTTCACCCC TTATAAGTAA TTACATTTAA GGTTACGCCC TCTTTACATA	4560
	AGCGTCTAAT ATAAATAAAC AATTTATTTA TAAGTAGAAA CTATATATGA CGTGGTTGCT	4620
50	TATAAATTTGC GTTCTTGATT CGAAAAATTC AGATAAGGAT TTATACAATT AATATTTATG	4680
	ATATCTTTTG TAAATTTAAT TAATTATAGT TACTTCAATC ATGATTAGTT TATAATAATA	4740
	AAGTGAAATT GAAAAAGACA GCTATTATGC GATGAGCGAA AAACCTCAAG TAAAACAAGA	4800

55

TAAGTTCAAA AAAGAATTCA AACCTGTTAT GCACTTAAAA GGTGATGCAT TCAATCAACA 4920
 GTTACAATCT TTGATTACA AATATCCACA AATACAAAAA AATATGAAAT CAGAGTTCAT 4980
 5 TGCTTATTAT GATAAAGAAA AAAATAGAGA AACAGTAAAA AACTATGCTT GGAACCTTCA 5040
 AAAATCTATA AATGACATTA TGCAATCATA TCCTAGCACA AAATTTGTAC AGTTTTATAA 5100
 10 AAGATGATGT TTCCCCGTCA ATGGTAGATG GAAATGGCCG TTAAAAATCG GGATACTAAT 5160
 GTATTTCCAT C 5171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 265:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3589 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 265:

CTACACACTA AACCTATTTT AGTTATGGGT GGTACAGTGA TTCTCTTTT ATTTTAAATA 60
 25 GGTATTTGGA TTGGTCATCC TATTGAAACA GAAATCAAAC CACTTATTAT TGGTGCGATT 120
 ATTATGTACG TACTTGGGCT TGTAATGAT ATCTACGATT TGAAACCGTA TATAAAATTG 180
 30 GCTGGTCAAA TTGCCGCTGC CTTAGTAGTT GCTTTTTATG GTGTGACTAT TGATTTTATT 240
 TCGTTGCCAA TGGGTACAAC GATTCATTTT GGATTTCTTA GTATTCCAAT TACTGTGATT 300
 TGGATTGTTG CTATTACAAA TGCAATTAAC TTAATTGATG GACTCGATGG TTTGGCGTCG 360
 35 GGTGTTTCKG CAATCGGACT CATTACAATA GGGTTCATTG CAATTTTACA AGCTAATATT 420
 TTCATAACGA TGATTTGTTG TGTTTTATTA GGCTCTTTAA TTGGGTTTTT ATTTTACAAT 480
 TTCCATCCTG CAAAATATT TTTAGGTGAT AGTGGGGCTT TAATGATTGG ATTTATCATC 540
 40 GGATTCCTTT CTTTACTCGG ATTCAAAAAT ATTACAATTA TTGCATTGTT CTTCCCAATT 600
 GTTATCTTAG CAGTTCCATT CATTGATACT TTGTTGCAA TGATTGACG TGTGAAAAAA 660
 GGGCAGCATA TAATGCAAGC TGATAAATCG CATTTGCATC ATAACTATT AGCTTTAGGC 720
 45 TACACACATA GACAAACAGT ATTATTAATC TATTCAATCT CTATTTTATT TAGTCTTTCG 780
 AGCATTATTT TGTATGTATC GCCACCATTA GGTGTTGTAT TAATGTTTGT ATTAATCATA 840
 TTTAGTATTG AATTAATTGT TGAATTTACA GGATTAATAG ATAACAATA CCGACCAATA 900
 50 TTAAATTTAA TTAGTCGTAA GTCATCTCAT AAAGAGGAAT AGGGAATGAA AGCATAGCTG 960
 TATGGGATAA TTTGTATTAT ATGGCTTTAC TCTTTACAAT TTTTTGTAT TAAATTTCAA 1020

	ATTTACCGTC TTATGATAGT GCTTTTTATT TTTATTCAGT TGGTATATCG AAAGGTAAC	1140
	GCTTTGGAGT TTCTTCAGTC AAATCGAAAT TTCCTGCAGT CATTTGATTT AAAAAGTTAA	1200
5	TAAACGCTTC ATAGTCACTT TTAACGACAT CGATATAGTA GCTTACCTTA TCAGTGTAA	1260
	TTTGGTTTCT TAACATAAAA TGAGTTGAAG CTAATTCATA TTCAAATTTA CCAGTTTGAT	1320
10	CATAATTCAG TGTTACTATA CATGGTACTG CTTCTCGTAG TTCGACACGC CCGATATCAT	1380
	AAATGACGTC TCTAACAGCA CCGCTATAGG CGCGAATTAA ACCGCCACCA CCTAATTTAA	1440
	TACCACCAAA ATATCTTGTT ACTACGACAC ACGCATTATG aACATCGrGC TTTTTTaATA	1500
15	TGTCTAACAT TGGGaCACCG GcAGTTCctG TCGGTTcACC ATCATCATTC GcNTTTTGAA	1560
	TATTCATTcC AGGTCCAATA GTATATGCAG AACAAATTATG AGTGGCATCT TTATGTTCTT	1620
	TTTTTATTGC AGCAATAAAT GCTTTaGCTT CATCTTCATT TTGAACAGGT TTGATATGAG	1680
20	CAATGAATCT TGATTTACTA ATCACAATTT CAATAATGTG TTCTTTTTTA ACAGTAATGA	1740
	TATTTTGTGT CATAATAACT CCTTAATCA TAAGCTTAAG ATTATTTAAT CTTCAATATA	1800
	CACTGAAAAT GACATGACTA TAAATCGTTT GATTGCCATT TTCTTTTTTA CTGAAATATT	1860
25	GTATCATTCG TATGAGTATA TTTTAGGAGG ACGACTATGA AAATTGCTGT GATGACCGAT	1920
	TCTACAAGTT ATCTGTCGCA GGACTTAATC GATAAATATA ATATTcAAAT AGCGCCATTA	1980
30	AGTGTGACTT TTGAAGATGG CAAGATTATA CCAGAAGAAA AAGTTCGTAC TAAAAAGCGT	2040
	GCCATTCAAA CATTAGAAAA GAAAGTATTA GATATTGTAA AAGACTTTGA AGAAGTAACT	2100
	TTATTTGTCA TAAATGGAGA TCATTTCGAA GATGGTCAAG CGTTATACAA AAAGTTACAA	2160
35	GATGATTGTC CTTCAGCTTA TCAAGTAGCA TACTCTGAGT TTGGTCCAGT TGTTGCAGCA	2220
	CATTTAGGTT CTGGTGGATT AGGTTTAGGC TATGTTGGCA GAAAAATAAG ATTAACATAA	2280
	TTATAAAAAT TTAATAAAAG AGTCTATATT GTAATTGGAA ATTATCTCTC GTATACATGG	2340
40	CTTTAAATGT TCATCATTTG AAAGCCAAAA TGCTAAAGAT ATAAGAAAAT CATTATAATA	2400
	TTAGGCTCTT TTTTACGTTG AAATGAGGTT TTAAGCATTa AACATTACGG GAAATTAATT	2460
	CATCCTCATA CTTCACTTAC TAATGAAAAA ATTAAAAAAG AAGTAACAGG TGTCATCAAA	2520
45	CAAAATTCAA ACTATTATTG TGTTCAATGT GAAAGTACAA ATCCAAAGCA TTTTATCAG	2580
	TATGATTCCT CAGTACATTC CAAGAAAATT GTATATTGCA GAAATTGTAT ATCACTGGGT	2640
50	CGAATGGATA ATGTAACAAG ATATAAAATA ACAGAGAGTT CGCAAAGTTC ATCACAAGCA	2700
	TATTATCATC TCTCATTTGA ATTGTGGGAA CAGCAGTCTT ATGCCTCAGA ACATATTGTT	2760
55	CGAGCCATTA GAAAGAGACA AACGATTTTG TTATATGCCG TAACAGGTGC AGGTAAGACA	2820

TCACCACGTG TAGATGTTGT TGTAGAAATT AGTAAACGTA TTAAAGACGC ATTTCTTAAT 2940
 GAAGATATAG ACATACTACA CCAGCAATCA AGACAACAAT TTGAAGGGCA TTTTGTGTGA 3000
 5 TGCACAGTGC ATCAACTTTA CCGATTCAAA CAGCACTTTG ATACTATTTT TATTGATGAA 3060
 GTCGATGCCT TTCCTTTATC AATGGATAAA AATTTACAAC AAGCATTGAA GTCATCTTCT 3120
 AAAGTTGAAC ATGCAACAAT TTATATGACA GCAACACCAC CGAAACAAC TCTGTCAGAG 3180
 10 ATTCCCCACG AAAATATAAT TAAATTGCCA GCTCGCTTTC ATAAAAAATC ACTTCCAGTT 3240
 CCTAAATATC GTTATTTCAA ACTTAATAAT AAGAAGATTC AGAAAATGTT ATACCGAATT 3300
 TTACAAGATC AAATTAATAA TCAACGTTAT AACTGGTGT TTTTAAACAA TATAGAAACA 3360
 15 ATGATTAAAA CATTTTCGGT TTATAAGCAG AAAATTACTA AATTAACATA CGTCCATAGC 3420
 GAGGATGTTT TTCGCTTTGA AAAAGTTGAA CAATTAAGGA ATGGACATTT CGATGTCATT 3480
 20 TTTACTACGA CAATATTAGA ACGTGGATTT ACAATGGCAA ATTTGGATGT TGTGTTATC 3540
 GATGCACATC AATATACTCA AGAGGCTTTA ATACAAATTG CTGGACGTG 3589

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 266:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1017 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 266:

TTTCCAAGAA GGcTTgAAAA AtGTTwCaAG TGGTGCgAmC CCAGTTGGTT TACGACAAGG 60
 35 TATCGACAAA GCAGTTAAAG TTGCTGTTGA AGCGTTACAT GAAAATTCTC AAAAAGTTGA 120
 AAATAAAAAT GAAATTGCGC AAGTAGGTGC GATTTAGCA GCAGATGAAG AAATTGGACG 180
 40 TTATATTTCT GAAGCTATGG AAAAGTAGG TAACGATGGT GTCATTACAA TTGAAGAATC 240
 AAATGGACTA AACACTGAAC TAGAAGTGGT TGAAGGTATG CAATTTGATC GTGGTTATCA 300
 ATCACCGTAT ATGGTTACTG ATTCAGATAA AATGGTTGCT GAATTAGAAC GCCCATACAT 360
 45 TTTAGTAACA GATAAGAAAA TCTCGTCTTT CCAAGATATC TTACCTTTAT TAGAACAAGT 420
 GGTCAATCT AATCGTCCAA TCTTAATTGT AGCTGATGAA GTTGAAGGCG ATGCATTAAC 480
 AAATATCGTG CTAAACCGTA TCGTGGCAC ATTTACAGCT GTTGACAGTA AAGCACCTGG 540
 50 TTTTGGTGAT CGTAGAAAAG CGATGCTTGA AGATTTAGCT ATTTTAACTG GTGCGCAAGT 600
 GATTACTGAT GATTTAGGCT TAGATTTAAA AGATGCATCA ATTGATATGT TAGGTACTGC 660

CAGCATTGAT GCACGTGTTA GCCAATTGAA ATCTCAAATT GAAGAACTG AATCTGACTT 780
 TGATCGTGAA AAATTACAAG AGCGCTTAGC TAAATTAGCA GGTGGTGTG CAGTTATCAA 840
 5 AgTAgtGTGCA GCAAGTGAAA CAGAGCTTAA AGAACGTAAA TTACGTATTG AAGATGCATT 900
 AAATTCTACA CGTGACGAG TTGAAGAAGG TATTGTTGCA GGTGGTGGTA CTGCATTAGT 960
 10 AAATGTTTAC CAAAAAGTAA GTGAAATTGA AGCTGAAGGT GACATTGAAA CAGGTGT 1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1409 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 267:

TTAATCCAGC GTTAACTGTA TTTGCATTTA TTATGATTAT TTCGATTCTT TTAGCGTATG 60
 TATTTAAATG GCTTGGATTA GTGGATGATG TGTATTAAAT GGTCATTATC ATTTCAACTA 120
 25 TTTCTTAGG CGTAGTTGTT CCAACTTTAA AAGAAATGAA TATTATGAGA ACAACTATAG 180
 GGCAATTTAT CCTATTAGTA GCAGTACTTG CGGACTTAGT AACTATGATT TTATTAACGG 240
 TCTATGGCGC AATCAATGGT CAAGGCGGCA GTACAATATG GTTAATAGGT ATATTAGTTG 300
 30 TTTTCACAGC AATTTTCATAT ATTTTAGGTG TTCAATTTAA AAGAATGTCA TTTTACAAA 360
 AATTGATGGA TGGTACGACG CAAATCGGTA TTCGTGCGGT ATTTGCATTA ATAATATTAT 420
 TAGTAGCCCT AGCAGAGGGA GTTGGCGCAG AAAATATATT AGGTGCATTC TTAGCAGGTG 480
 35 TCGTTGTTTC ATTATTAAAT CCAGATGAAG AAATGTTGA AAAGTTAGAC TCATTTGGTT 540
 ATGGTTCTT TATTCCTATT TTCTTTATAA TGGnTGGTGT AGATTTAAAC ATACCTTCAT 600
 40 TAATTAAAGA ACCGAAATTA CTAATTATCA TACCGATTTT AATCGTnGCA TTTATCATTT 660
 CAAAATTAAT TCCAGTCATG TTTATTCGAC GTTGGTTTGA TATGAAAACA ACGATTGCAT 720
 CAGCATTTTT ATTAACATCA ACATTATCGC TCGTGATAGC TGCAGCCAAA ATTTCAGAAA 780
 45 GATTAAATGC TATTTTCAGCT GAAACGTCAG GTATATTAAT TTAAAGCGCA GTCATTACAT 840
 GTGTATTCGT TCCGATTATT TTCAAAAAAC TGTTTCCAGT TCCAGATGAG TTAAACCGTA 900
 AAATTGAAGT TAGTTTAAAT GGTA AAAATC AATTAACGAT TCCTATAGCG CAAAATTTAA 960
 50 CATCTCAGTT ATATGACGTG ACATTATATT ATCGCAAAGA CTTGAGTGAT CGTCGTCAAT 1020
 TGTCAGATGA TATCACGATG ATAGAAATTG CTGATTATGA ACAAGATGTT TTAGAACGAC 1080

AAGTTGCTAA ATTAGCCAAA GCACATCAAG TTGAGCGTGT CATTTCGAGA CTTGAAAGCA 1200
 CAACGGACGA TACAGAGTTA GTTGATTGAG GTATTGAAAT TTTCAGTAGC TACTTAAGTA 1260
 5 ATAAAATCTT ATTAAGAGGT TTAATTGAAA CACCTAACAT GTTGAATTTA TTAAGTAATG 1320
 TTGAAACGTC ACTATATGAA ATTCAAATGT TAAATTATAA ATATGAAAAT ATTCAATTAC 1380
 GTAATTTCCC ATTCGGAGGA GACATCATC 1409

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 268:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 4702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 268:

20 AAAGAGGGTT TTTTACTACT ATAATCCATC CTTTAATGGA ATTCCATTG TCCCTTTGGC 60
 CCGTTCATAA CCATAGGAAA ATATATGCnG nAATCATTGA TAGTAAATAC ATCAATAATA 120
 25 CGAATAATGT CCGTGAAATC ACGTCCGTAT TACCATTATT AGCTAAAACA TTTTCCAAGT 180
 TTTCTTTTGA ACCGGATACT CATAAATGCT TTTAATGCnT GGTTTTGTCT GTCGCCATCT 240
 TTAGAATTTG TAATACTTTT TTAAATCTT TAGCGAACAA CTCATTATCT TTATCGTTTT 300
 30 TAGCCATTG ACGATTCAAA TCGTTAGCTC TTACGCCTAA TGCTCGACCT GTCGCATGTA 360
 GCTTATTCAC ATTATTGTCG ACTTGATTTA ATTGGCCACT AACAGAATCT GCAATTGATT 420
 TTGATTCCTG TGTATCTGAT AGCAATTGCG TACTCTTTTC AGAAATTCTA CTAATTTCTT 480
 35 TATCTAAATT TGAAGACATC GTATTAAATT CATCATTTTT GCCTTTATCA ATTTTTGGTT 540
 CTTGTGGCTC TTCAGCAAAA GTCTTTTAA CGTTTTCTAA CTGATCAATC AGCTTGGAAG 600
 40 TATCTTCTk ATTTTTTGTT gTATCTTTT TGTATTTAA AATGTCATCA ATCAGTTTGT 660
 CTGAGTTTTC TTCCATTGAA TCAATTGat GTAACACAGC TACTTTATCG TCTTTGAAAC 720
 TTTCCATGTC ATTGATAACT TGGTCAACCA TCATATCAAT TAAACGTTTG TTGTGCAATG 780
 45 GTTTATCTTC tCTGCCTTTT GTATCTGTGT ACATTTTATA ATGCGCATCA AACCTAGATA 840
 ATGCACTCAA TTGCTGGCTT AATGCATCTT TCGATAAGCG ACCATCaAGG TTATGATTCA 900
 ATGTTACATC CACAACACTC GTTGCTTTCT TATCATTTGG TTCATCTTGA CGATTTGCTT 960
 50 GTCCAAATAA CAATTGTAAA TGCATTGTTT TATCTTTTAA GAAATCTTTC TCAGCATCCT 1020
 TTTTCAATTT AGCAACGCCA TTGACTTCAA CTTTATATTC CTTGTTAGAT GTATCGAGTT 1080

	TAAAATGAGG	AtCTGTTGCA	ACAGTTAATT	GATTAATATC	ATTACTTTTA	ATCGTTTCAG	1200
	TACGTTGCAC	TTTGACACCA	TCATTAATCA	AACTACTTGT	GTCTTGCGCA	ACTTGGTTAT	1260
5	CGTAATCTGT	TAAATTAATG	TGTTCTGCTA	ACGGTTTTTT	CAAATTATAT	TCATTTTTAT	1320
	AACGTTTTGC	TTCTTTGACA	ATTGCTTCGT	ATTTATTAGC	TTCATCCTCA	TTTAAACCTG	1380
	CAGCTATAAA	GTCTTGTTTA	GACATGTTAT	AGATAAATGT	TGTATCTGTA	TCAGGTTCTT	1440
10	TGACAATATC	ATCATGAAGT	TGTTTCTCTA	AGTTTTTCAGC	GAATTGAGCA	TTGTTCAATTT	1500
	TAATGCTATT	TAGCGCATCT	TGTAAGTCTT	TGTTATTTGC	AAGCTCATCT	TGCACTGATT	1560
	CTGTAAATTG	CTTACGATAn	TCTTCAATCA	TACCTTTTGA	AAATGGTGAC	TCTTGTGATT	1620
15	GAATGATTTT	TCTTAATTTA	TCTAAGTTTT	CTTTAACAGT	TTGTTTATAT	TCTTCTTTAC	1680
	CTGTATCTTG	CATACTTGAT	TGTTGATCAA	TTTGGCTGTC	CATCTGTTTT	AATGCATTGA	1740
20	TATAGTTATC	AAGTTCCACG	CTATCTTTTT	GCGATTTATA	ATCTTGTAAC	ATTTTATCCA	1800
	TCGCTGTATT	GTGCTCGTCA	AATAATGAAT	TTTGTTTTTT	AATTAAAGTC	GAAACATTAT	1860
	AATCTGTGTT	CACTCTGAAC	GTATCTGAAT	TCGCACTCAA	TAATGATTTA	TTGTATGTTT	1920
25	GGAACCATTT	TGTAATGTCT	TTGTTTGCAG	AAATTGAATT	TACAAGCGTA	TCTGTAAATA	1980
	ATTCCGGGAA	GTCGTTAATT	GGATTTAATA	AGTAATTCGA	GAATTTACTA	TTCACACCAT	2040
	GTTACGCGT	CATAATAGCG	CCAACATTTT	TTTGTGCATT	ATGTAAATTA	TCAATGATGC	2100
30	TTGTAAATA	AATTTGACT	AAGTTTTTGT	TAAAGTCGTT	AAGTACATTA	CTTACAACTT	2160
	TTTCTGTGTT	TTTAGCTACT	TCTTCTTTTT	GTCCTACAGC	TGTTTATAC	TGTAGCGATA	2220
	TTTTTCGATG	TGTTTTAGCG	TCTAATTGCA	TTGCCAATTT	TGAAAAGTTT	TCTGGGATAA	2280
35	CAATCATGAC	TTGGTATCCA	CCATTTTTCA	AACCAGACTC	AGCAACGTTT	CTTGTTACTG	2340
	TTTCAAAATT	ATAGTTTTTC	TCATTTGCTA	ACCTTTTAAT	AAATGCTTGA	CCCAGCTCAA	2400
40	CTTTTTTACC	GTTATATGTC	GTTGGTTGAT	CCTCGTTAAC	AATTGCGATA	TGTATTTTAT	2460
	TATTTTTATT	ACTTACACTT	TGGGATCCTT	TTTCTGATTG	ATCTCCATAT	TTTGTTTGAA	2520
	CAAAAAATAT	CATACTAACT	ATGGCAATTA	TAATAATTAA	AGTGACAATT	AATGCATAAA	2580
45	TCCAATTTTT	CTTTTTCATG	CTTATTTCTT	TTCAGTTGTT	TTCTTAAAAA	AATGATAAGC	2640
	AAAGCCACAT	TAGAAAATGT	GACTTTGCCA	ATTTCAGAAT	GCTTATTGCA	AACCGAAATT	2700
	ATTAGAAAGT	TGTTGGTCTT	GTTCTTGAAC	GGCATCAGCA	GTGctATTca	ATTGTTGTTT	2760
50	AATTTCTTCT	AATAATTGTG	CAAATTTTTT	TACTTTAGGA	CTAAGTTGTT	GGAATTGCTC	2820
	TTCGAAACGG	CTGAAAGCTT	GACCTTCCCA	GTTGCTGCA	ATTTCACCTt	GTGCACGkGT	2880

55

EP 0 786 519 A2

	TCTGATTTC	TCTGGACTCA	TCTTAATCAT	TGCCATAACT	AGAAACCTCC	TGAATATTTT	3000
	AAGTTTATCa	AAACTTTTTA	GGGACACTAT	TTTTTGAAAA	AGTGCTCCTT	ACTCAAATAA	3060
5	TATATAAATT	ATTAGTATAT	GTATATAGT	TTTTAAGTAT	TTTAGCTTT	TTTAAATATA	3120
	ATATATTGAA	TATAACCATA	TATTTTAAAT	TAACCATTCA	TTTTTGTAAT	ATAAATGTGT	3180
	ATACTAAAT	TAAATTAAAT	ACATAAAGGA	TTAAATGGTT	ATTATGAAGA	AAACAATTTT	3240
10	ACTGACGATG	ACAACCTCTA	CTTTATTTAG	TATGTCGCCT	AACTCGGCTC	AAGCATATAC	3300
	GAATGATAGC	AAAACATTAG	AAGAAGCAAA	GAAAGCACAC	CCAAACGCAC	AGTTCAAAGT	3360
	GAATAAGAC	ACCGGCGCGT	ATACTTATAC	ATATGACAAA	AACAACACGC	CAACAACAA	3420
15	TCATCAAAAC	CAGTCACGTA	CAAACGACAA	TCATCAACAC	GCAAATCAAC	GTGATCTTAA	3480
	CAACAATCAG	TACCATTCTT	CATTAAGTGG	TCAGTATACG	CACATTAATG	ACGCAATTGA	3540
20	TTACACACACA	CCGCCTCAAA	CGTCACCAAG	CAATCCTTTG	ACACCAGCAA	TACCGAATGT	3600
	CGAAGACAAT	GACGATGAAT	TAAATAACGC	TTTTTCAAAA	GATAACAAAG	GGCTTATTAC	3660
	AGGCATCGAT	TTAGACGAAT	TGTATGACGA	ATTACAAATC	GCCGAATTTA	ATGACAAAGC	3720
25	AAAGACCGCT	GACGGTAAAC	CTTTAGCATT	AGGTAACGGT	AAAATCATTG	ATCAGCCTCT	3780
	TATCACAAGT	AAGAACAAC	TATATACTGC	TGGACAATGT	ACATGGTATG	TCTTTGATAA	3840
	ACGTGCCAAA	GATGGACACA	CGATTAGTAC	ATTTTGGGGA	GATGCTAAAA	ACTGGGCAGG	3900
30	CCAAGCTTCA	AGCAATGGCT	TCAAAGTAGA	TAGACACCCA	ACACGAGGAT	CAATTTTACA	3960
	AACAGTAAAT	GGTCCATTTG	GTCATGTAGC	CTACGTTGrA	AAAGTTAATA	TTGATGGAAG	4020
	TATTCTAATT	TCAGAAATGA	ACTGGATTGG	TGAATATATC	GTTTCATCAA	GAACCATCTC	4080
35	TGCTTCAGAA	GTTTCATCAT	ATAATTACAT	CCATTAAATT	AATCATGACA	TCAATAAAAA	4140
	GCGAECAGTT	CGCAGTTTAC	AATTCGTAAC	ACTGCAAAAT	TGGTCGCTTT	ATTTTGTATG	4200
40	TTATTCGATT	ATAAAATTAC	AAAGAAATGT	TCTCTACATT	CCCCATTAAT	CAAAATCGTT	4260
	TACGAAAGTA	TAATTGTAGC	TATAATAATC	CAAGTCGTAA	CAACTAGTGG	CACTATCGTC	4320
	TTGAATAAGA	ATATACCGTA	TTTTTTCTTG	CGATATATAT	CCAGTACTAG	CCAAATTAAA	4380
45	ATGATTATAA	CACCAACAAA	AATAAATACA	GGATTCATCG	ATATAGCATC	TGCCTGTAAC	4440
	TCAGGTTGCA	TTCTTAATTT	AGTGATAATT	AACATCACTA	CTGAAATAAT	GAAAAAGTAG	4500
	ATACCTCTTA	TCTTTGATGT	CTGTAAATCT	AATTCCTGCT	CTTCAATGAC	CTCTTTAGAT	4560
50	TCACCCAATT	CTTTTGCAAT	CAAATAATTT	ACTACCTTAG	GTTTCACCCA	TAAACACTTA	4620
	ATTGCAAAGT	ACATAAAAA	ATATGATCCA	GTATCCATAA	ACATTAAAAA	GTTGCTTAAA	4680

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 269:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2004 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 269:

```

ACAAAAAATT CACCCTCATT AATATTGAAA CTAATGTTAT CGACAGCAAC ATGTTTGCCA      60
TAACGCCTTAG TTACATTTTT AAACCTTAATC ACTTTGCCAC CTCTTTTTTT CTCATAGCAT    120
AAAACCGAGA TTATATGTAT GTATCCCTTA TTTAACCACG TTTATTACAA TTTTCAAATT    180
TAAATGATTT ATCCTTGAAC TTTTAAATA AAATAATGAA TAAWAGGWAA TCWCCAGTTA    240
AGAAATAGTG TTATTTTACC TTGAATCAA AAAACACCCC AGTAAAACAA GGAATGCTTA    300
CTAGGTGTCT TCACTATACT TTGGCTTTAT AATTTTGAAT CGTTCTAAA AATGCTGGAC    360
AATAATGTTT TAATTTGTAA CTACCTACGC CATCTATATT AATCATATCT TGTTCGAAG    420
CAGGCTTACG TTTAGCAAAT TCCTCCAACG TGTAATCAGA AAATATACTT ACAGGTGCTA    480
TCGTAAATTT GTCACCTAAC TTTTACGAA CTTCTACCAA CTGACTGAAT AATACTCGGT    540
CAACCCCTTC AACCGTATTT ATAAATACTT TTTCACTCGC TTTTGTCTTA AATGGTGTG    600
TGAATACTTC TACTTCATTA CTGAGTAATT TTTAATTGA AGTATCACAC ATTAATATTT    660
CGTCATTTTC ATTTAAGAAC CCTTTGAATC TTAATTCATC TATTAAGTGA CTTAATTCTG    720
ATGTTGTGTA ACCTTTCATT AAACCATGGG TTGAAATTTG GTCATAACCT TTATACTTAA    780
TATAATCTGK TGACTCTCCT CTTAACACTT GAATGATAAC ACTATAACTC TCTGTGTGTT    840
TCATACGAGC GATGCAACTA ATAATCATCT TAGCTTCTTG TGTCATATTA TATGATTTAT    900
CTTGTGTAAC ACAATTACTA CATTGTTTAC ATTCTTCTAA TTTTTCATTC GGTTCAAAT    960
AATGGACAAT TGTTGCTTCT AGACATTTT TTGTTTTTGT ATATTGAATC ATTTTAGTTA   1020
ACTTTTCGCC CATTTTATCT TTATAGTCAT CATCAGCTTG AGAGACTGTT ATAAAATACT   1080
CGTGTAATTT GATAACGCGT TCGCTAAATA ACAAATACA TTCACTTTTC AACCCGTCAC   1140
GACCTGCACG ACCCGCTTCT TGATAATAAG ATTCTAAATC TCCAGGCATA TTATAATGAA   1200
TAACAAAGCG TACATTGGAT TTATCAATAC CCATACCAAA AGCATTGTA GCAACGACTA   1260
CTTTAACACG ATCAAATAAG AAATCATTCT GCGCTTCTTC TCTTCTTTA TTGCTCAAAC   1320
CTGCATGATA TATAACACTT TCAATTTTCT GACTTTCTAA GGCTTCTTGA AGCTCTTCAA   1380

```

CCAATATAAA TTTTGTACGT TGATAAGTAG GATTTACTTT AAAAATTAAG TTTCTACGCT 1500
 TAGTACTCGT TTTAATTTGA TCAGTTTGAG CGATATTTAA CTTTTCTCTA ATATCTTGCT 1560
 5 GTACTTCAAC CGTGGCAGTT GCTGTCAACG CTATTATTGT AAAATCTTGA GGTAACGTAA 1620
 ATACTTTTGA AATAACATTT TGGTAACTCG GCCTGAAATC ATGACCCCAT TTAGAAATAC 1680
 AATGCGCTTC ATCAAACGCG ACTAAGTGAA TCTTTATACG CTGAAGCATA TTTAAAAAAT 1740
 10 ATCGGTTTTTC AAATCGTTCT GGTGCAACAT ACAAAAATTG AATTTCTCCA TTTGATAATG 1800
 CTTTTTCAAT ACGTTGTTGC TCTTTTGTAG TCAAACTACT ATTTAAAAAA GCAGCTTGAA 1860
 TTCCCATCGC TTITAATTGA TCCACTTGAT CTTTCATTAA TGATATTAGT GGACTTATTA 1920
 15 CAATTGTTGT ACCACCTAAC mATAAACCTG GTACTTGrTA GCmTATAGAC yTACCTCCAC 1980
 CAGTtGGkAA GrCACCAAGC ACAT 2004

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 270:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2244 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 270:

30 AAAGATTGCT TGCCTTGAGG GTTTATATAT CTGACTCAAT TGCCACATTT TTATCAAGAG 60
 TAGTTGATAA TACTCATCAT AATTATAGCT AATATTATAT TTTTTTAAAA GATAGTGTAT 120
 GATTTTCTGG TGTGTGTTGT ATACGTCATT AAATTTCAAG TAGTCATTCT CCAAGTTATA 180
 35 CGTATAACAA ATATTTCCGG ATAAAGTTAG AATAAAATAT TTAGAAAAAT CATTCAATTG 240
 CGTAAATCGCT AAATTAAGTG TTAAATATAA GACATAAGTA ATTAATTTAA TGTGATATGA 300
 40 TGTATTATTA CTTTGCTAAA TAGTAGATAG AACAAAATTT GTAATCGGGA GGTAACAATG 360
 GATTACGCAC ATTTAAATTT AGAACATTTT TTTGCACGAA ACGACGATTT AGATGTTATA 420
 AGAGATCGCG CTGATTTTCGT GATGATAAAT AACTTCACTA ATGAAATGAT GTATCGTGAT 480
 45 GGTCAAATTG AAGGCACGAT TGATTTAAAT CAGTACTATT ATAAAAATAG ATCAAATGCA 540
 GCAAGTTTTA TTATGATGGA TTATAAAAAA GAACTAAGT AAACGAACAA AAGAATTTTT 600
 TGTTTTTTAA TACGTGAATA ATAAGATTAT TGATATAAAG GTTTTCAAAG GTTATACAAA 660
 50 AAGATAAAAC ATTTATGATT CGTAGATCAA CGTAAAGTAA TGTTGATAAA TGGTTTAAAA 720
 CGTTTCATTT ACATTACTGT TTATTTATGA ATATGTAACA ATGCATAGAT AAAATTGTTA 780

ACCTAAGAGG TGTGGATATG AATAAACACA AGAAAGGTTT TATTTTTGGA ATAATAGGAC 900
 TTGTTGTCAT ATTTGCTGTT GTCyCaTTTT TATTTTTCTC AATGATATCC GATCAGATAT 960
 5 TTTTCAAACA TGTTAAATCC GACATTAAGA TTGAAAAGTT AAATGTTACA TTAAACGATG 1020
 CAGCAAAGAA ACAAATAAAT AATTATACGA GTCAACAGGT ATCAAATAAA AAGAATGATG 1080
 CATGGAGAGA TGCATCTGCA ACTGAAATTA AAAGTGCAAT GGATAGCGGT ACTTTTATCG 1140
 10 ATAATGAAAA GCAAAAATAT CAATTTTTAG ATTTATCAAA GTATCAAGGG ATTGATAAAA 1200
 ATAGAATTAA ACGTATGTTA GTAGATAGAC CAACGTTATT GAAACATACG GATGATTTCT 1260
 TAAAAGCTGC TAAAGATAAG CACGTTAAGC AAGTTTATTT AATTTTACAT GCATTATTAG 1320
 15 AAAGTGGCGC AGTTAAAAGT GAATTAGCTA ATGGAGTCGA AATTGATGGC AAAAAGTACT 1380
 ACAATTTCTA TGGAGTAGGA GCCCTTGATA AAGACCCAAT TAAAACAGGT GCAGAATATG 1440
 20 CTA AAAAGCA TGGTTGGGAT ACACCTGAAA AAGCTATTTT AGGCGGTGCT GATTTTCATTC 1500
 ATAAGCACTT CTTATCAAGC ACAGATCAAA ATACATTGTA TAGTATGAGA TGGAAATCCAA 1560
 AAAATCCAGG AGAACATCAA TATGCTACAG ATATTAAGTG GGCAGAAAGT AATGCAACAA 1620
 25 TTATCGCTGA CTTTTATAAG AACATGAAGA CTGAAGGAAA ATACTTCAAA TACTTTGTGT 1680
 ATAAAGATGA CAGTAAACAT TTGAATAAGT AATTGATAA GCTACGAGTT GTTTTTATGA 1740
 CTCGGACATA CTA AAAAGAC GCTTTCTATC TTGTTTTGAT AGAAAGCGTC TTTTTCATT 1800
 30 AGAGAAAACA CATTGATkGA TAATCCCACC aATGCAAgTG GGGcAGGACa TCGATAAAGA 1860
 ATTACTTTTT CTTTAGAAAT TAGTATTTCT TATGCATGAG TTTTACTCAT GTATTCCTAT 1920
 TTTTAAGTAC ACATTAGTTA TAGCTAATGA TAAAGAACCA CTACATAATA AATCATTAGT 1980
 35 GTTTTTTTAT CATTTCTGTC CCaCTCTCAT CGTGATTTGA AATTTTCAAT TGCGATTTTA 2040
 ATTTTCATCTC TTACACGTTG GAAGTCTGAC CAAGGCTTGC CTGCAGGATC ATCAAATCCC 2100
 40 CAATGTTCTT TCTTAACATT TGTTGGTAAA GAAGGGCAAT TTACGTCTGC ATCACTACAT 2160
 AATGTAACAA CTAAATTTGA ATTTnTAATA ATATTATTAT CGGATTAAAA TCTGATGGAT 2220
 GATTTGATAT ATCAATGCCT ACTT 2244

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 271:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1371 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

ATAAGCAATT TAATTTTGAG TCTACAATGG AGGAATTATC ATCTTTATCA GAGACTTGCC 60
 AACTTGAAGT GTTGGGTCAA ATTACTCAA ACAGAGATCG TGTAGATCGC AAATATTATG 120
 5 TTGGTAAAGG TAAAATTGAA GAAATTCAAG CATTTATTGA GTTCAAAGAT ATTGATGTAG 180
 TCATCACAAA TGATGAATTA ACGACTGCAC AATCCAAATC ACTAAATGAA GCTTTAGGTG 240
 TAAAAATTAT TGATAGAACT CAGTTGATTC TTGAAATATT TGCATTAAGA GCAAGAAGTA 300
 10 AAGAAGGTAA ATTGCAAGTA GAGCTAGCAC AACTTGATTA TTTATTACCT AGATTGCAAG 360
 GCCATGGTAA AAGCCTTTCT CGTTTAGGTG GCGGTATTGG AACTAGAGGC CCTGGTGAAA 420
 CGAAGTTAGA GATGGATCGC AGACATATTC GAACTCGTAT GAATGAAATT AAACATCAAT 480
 15 TGCGGACGGT AGAAGAACAT CGCGAAAGAT ATCGAAATAA AAGAAATCAA AATCAGGTGT 540
 TTCAAGTAGC TTTAGTTGGT TATACAAATG CTGGTAAATC ATCATGGTTT AATGTTTTAG 600
 20 CAAATGAAGA GACGTATGAA AAAGATCAAT TATTTGCAAC GTTAGATCCT AAAACACGAC 660
 AAATTCAAAT AAATGATGGA TTAAATTTAA TTATTTTACA TACTGTTGGT TTTATACAGA 720
 AACTACCTAC GACGTTAATT GCAGCTTTTA AATCAACTTT AGAAGAGGCT AAAGGTGCAG 780
 25 ATTTATTAGT ACATGTCGTA GATAGTAGCC ATCCTGAATA CCGTACGCAG TATGACACAG 840
 TTAATGATTT AATCAAACAA TTAGATATGA GTCATATTTT TCAAATAGTT ATTTTTAATA 900
 AAAAGGACTT ATGTGATCAT GCATCAAATC GTCCAGCAAG TGATTTGCCT AATGTTTTTG 960
 30 TTTCTTCTAA AAATGATGGT GATAAATTAC TTGTTAAGAC GTTATTTATT GATGAAATCA 1020
 AAAGGCAATT AACTTATTAT GATGAGACAA TTGCGACGAA TAATGCAGAT CGATTATATT 1080
 TTCTAAAACA ACATACATTA GTGACTGAAC TTAAATATGA TGAAATTGAA AATGTTTATC 1140
 35 GTATAAAAGG ATTTAAAAAA TAATAAAAGG ACGAAATTCA AATGAAAGAT ATAAGTAAGA 1200
 TAGTAGCTGA CGTCGAATCA ACGTTAGCAC CATATTTTAA AGAAATTGAA GAAACAGCAT 1260
 40 ATATTAATCA AGAAAAAGTA TTAAATGCAT TTCATCATGT CAAAGCAACC GAAAGTGATC 1320
 TACAAGGATC AACAGGATAC GGGTATGATG ACTTTGGACG TGATCATTTA G 1371

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 272:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6035 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 272:

55

EP 0 786 519 A2

	CGTAAAcCTA TGCgTTTTAA TATTCTGAAG TTAcCTTAGTT CATCCTCAGT TTCATCCATT	120
	TGTTTTAATAT AAATAATACA TCCAGCTGCT ACTAAAAATG CTAATCCTAA AAATGATGTA	180
5	ACAAATATTA GAATACCGTT AGTAGCATcG ACCTCTTTTT TCATTTcATC ATACGTGATG	240
	ACTTTGTCTC CAAACTGTTT TGCAATTGCT TGAGCTTTTT CCTTTTGTGA TGTTTGTTTA	300
	ATATCATATC CATAAAAAGT ATGAACGTTA TTTTGTGTTT TCAACTGCTG ATACTTTTCA	360
10	GGACTTACTT CGATGACAGG TGAGTTGAAG CTTAGATTTA AAGGATAAAC CTTACCTTTG	420
	TCTTCTGTG TAcACGGAAA GTTTCATTCT TAGTACCTTT TACTACTAAA TCTTTGTTTA	480
	AATGGATATT AATAATGTTA GGCAGCGATT TTGTATTTGT AATGATGGCA TTGTTGCCCTG	540
15	TtAACTTGTT ATTTGCACTT AAAATAGAAT TCGTGCGACC TGAATCACTA CCATTTTCCA	600
	AAGTAATAAC CTGATCATTa ACATTATCTA CAGTAATAGT TTCGTAAGCA TTTTtAGAAA	660
20	ATGTAATTTG TTGTTGGCTT AGTTTAGTTT CAAATTGTTT AGCATCTTGA GTAGCGACCA	720
	CGTTAAATTC ATTTGGTGCC ATAGATGTAA GGGTTTGATC TGTATTTGAT TTAGATAATG	780
	CCGCAAAACA CAATACAGTT ACTGTAActG CAGAAATAAT TGCAATGATA GTTAAAGACA	840
25	TGGCATTTTT CTTCATTCTG TACATAATAG ACGATGTGAA TACAACATCG GTAATAGATA	900
	CGCGTCCATT TTTTGATTTT TTCAATGTTT TAAAAATAAG TGACACGGAA CTTCTGAAGA	960
	ATAAATAGGC GCCTACAACC GTTAAAAATA AAATGATAAA CCGTGATGTC ATAGCCATAG	1020
30	TTAGTGCTTT GAACGTACCA AACATTTCTG TCGCCATATA ATAGCCTAGT GCAATCATAG	1080
	CAATACCTAA TACGCCTGAA ATAACCTCTG CAGTCGTTAC TTTAGCAGTT GTGGCATCAG	1140
	TTTTAATTGA ATCTTTcATC ATTGATAAGA TACTACGTCT TTTTAGAAAT AAAGCACTTT	1200
35	GAAATAAAAT CAGTACATAC GCAATAATTA GCATGAAAAT AGTTAAACA AGGGCCATAG	1260
	GTTcGAAATG TATCGATAAG TTAATCGATA ACGACATCAA TTTAGATACT ATGGAAAGCA	1320
40	ATAaTTGTGC ACCTGCAATG CCACATAATA CACCGACAAC ACCTGTGATT AAAAATACGA	1380
	TCATTtGTTc AAGTGCTAAC ATTTnCAAAA TGTTTTGTcG TGTTAAACCA ATCaACTGAA	1440
	ATAGCGCAAA TTCACGTGTA CGGCGTTTTA CGrmTAAATG ATTGGCATAC ATTAAAAAGA	1500
45	TGACAATAAT GATAAAATAA AATATTGATC CGACTAAAGC ACCTTTCTTA ATGATGGCCA	1560
	TCGAGTCGTC ATTATTTACA CCTTTAGTAA ACTGTAAGGT TGTAAACTG AAATATAAGA	1620
	CGATGCTAAA AAATAATGAA AATAAATACA TTGCATAATG TTTTAAGTTT TGTCGTAAGT	1680
50	TTTTGAAAAC GATATGGTTA AATGTCATTT GAGACACCAC CTAATACTGA TTGAAGATGT	1740
	ACAATGTCTT CATAAAAGGC CTGTTTAGAA CGTCCTTCCT GATAAAGTTG TGTATGAATT	1800

55

EP 0 786 519 A2

	ACCATGACAA TAGTTGTATC AAACGATTTA TTCATTTCTT CCAAACGTTG TAATAGGTCA	1920
	TTTGCACTTT TCGAGTCGAG TCGGCCTGTT GGCTCATCTG CAAATATGAT TTGTGGTTTG	1980
5	TGAACAAATG CTCTCGCTGC TGCAGTTCTT TGTGTTGAC CACCAGATAA TTCGCTAGGG	2040
	TATTTATTTT CTAGGTCATA AATACCTAAT GCTGTCGTGA TCGCTTTATA ATTTTCTTCC	2100
	ATTGTTGCCT TCGACATTTT TTGAACAGAT AAAGGTAACA TAATGTTTTT TTTAACGGTT	2160
10	AATGTCGGCA GAATACTGTA ATCTTGGAAG ATGAAACCTA ATGATTCTTT GCGGAATTTG	2220
	GCAAGTGCTT TTTGATTAAG TTTATTAAGC TCTTGTCGGT TAGCAATCcg cTACCGCTAG	2280
	AAATTTGGTC AATTGAACTT AGTACATTTA ATAAGGTTGT CTTACCTGAT CCAGAAGGCC	2340
15	CCATAATCGC AACGAATTCG CCTTTTTGTA TGTCAAAGTT AATATCTTTA AGTGCTTGAA	2400
	ATGTGTGCTT TTTACCGTAT GTTTTTGAAA CATGTgCACT GATAATATCG TCATAGTCTC	2460
20	ACTCCTTtTG TATTTAATTT CATTTTAAAT AATGTTTGGA GTAGTAGCCT TTATCTAAAC	2520
	TTACAATTCA ATGAATGAAC CTTACAGAGT TGAAArcTAT CGCTACTTAG TAGATTTTTG	2580
	AGTGAGGATA CAGATTCATC GTACATATTA GACAAAAGCA ATGGTGCTTT CTAAGTGATG	2640
25	ATGTTTGTGT AAATTGAGAA AAGGGAATTT AATTATTGTA TAATAAATTT TTTGTAAAAA	2700
	TTAAAAGAGG GTTTTATTTG AAAGGAATTG ATTGTTATGG AAAAAGGAAA TCAAGGTATT	2760
	AAATGGTCTA GTTTAATAAT GGGTGTATTA TTATTAATGT TGGCAGTCGT TATTTTACA	2820
30	TTTCCAATTG AAAATTTTTA TGCTATTACC TGGTTGATTG GACTGTTTGT ATTAATTAAC	2880
	GGTGTGATTC AAATCGTTTT CCGTAGAAAA GCAAAAGCTT TAGTAGGTGG TAACCAAAAT	2940
	TGGATTCTGT TTATGGGGAT TGTAGATATT CTATTTGGTC TATTAGTTAT TTTAATGTT	3000
35	GGCGCAAGTT CAGCATTCTT TATTTATATG TTTGCTTTTT GGTTTATTTT TAGTTCTATC	3060
	TCTGGATTAT TTACGTTTTT GGGTAGTGGT AGCTTAAAAAC TAATTCAGT GATTTTAAAT	3120
40	TTATTAGGTA TTGTTTTCGG TGTCATTTTA TTATTTAATC CATTAATGGG TATCGTCTTT	3180
	ATTTGACGA TGATTGCTAT TGCATTTGTA TTCGTAGGTG TCATTTATGT TGTAGATGCA	3240
	CTTGCTTAAG TAAAATGAAG CGGTTCAAAA GAAGGGTGTG ACATGAAGTT TGTGTCATAT	3300
45	CCTTTTGTGTT GTGTTTATGA AGCATAAAAA AGGGGCGCTA CCTACAATAA GTAAGATACG	3360
	CCCATATTTT TATATTTTAC TATTATTGTT TTTCAATACG ATTAATAGTT ACATTTAGTC	3420
	CAAAATATTT TTCTAAAAAA TGTTTATAGT TATCTTTAGT GACATCAAAT TTTTCTGAGC	3480
50	TACCATTCCT TGTTAAAGTT AAATGATTTT CAGACATTGT AGCACGGCCA AATGATTGTG	3540
	GCATTGTAAT TAATAAATGC TGTACAAATA TTGAATCTGG ATGCGTTTGA TTATATTGCA	3600

55

EP 0 786 519 A2

	AATGATCATT TTCGAATTTT TGAACATAGA AAATATCCTT GTCTTCGTTG TTAAAAATAG	3720
	CGCGGAATGT ACCACTGATA TCAGTAATTG GTTGTGTATG CTCAGATGAA GTAATAGGAA	3780
5	TGGCATGTAG AGGTAAGTCT CCAAAGCCAA CATCAGTTAC ATAGAATACA TCATTTATAG	3840
	AAACAACAAG TGAAGCATGT GAACCGTTCA GACTACGACC GCCACCGGGw GTGTGAATAG	3900
	TAGCTGACAT TAATTCAGGA TTAAATCCTT TTTGTTGTAA ATAGGCTTTG AAAAAATGTAT	3960
10	TTAATTCATA ACAAAAACCA CCACGTTTAT CATGAACAAT TTTATTAAAA AGTGCATCGA	4020
	TATTTATAGA TATCGGCTTA CTATTTTGAA CATCAATATT TTCAAAGGT ACAGTTAACA	4080
15	TAAACGTGT TGCATAATAA TTAAATGCTT CAATACTCGG TCGATTATAA CGAGATGAAT	4140
	CAATTTGTAA ATAATTCTCT AACTTCGCAA TATTCATAAG CATAGCGCCT CCTGTATTAA	4200
	AGATTATAAT TAAATTTTAA ACAGAAATAC TGAAATTTTA AATTCGAAAG CATTGAATTT	4260
20	TGGATAAATA CATTTTAAAT AGAAAAATAC GCTCTCAAAA TGAAGTCATC TCTAAAAGAA	4320
	ACGATTTAAA GATGACTACT GAGAGCGTAg CATAATGGAA GAAGTGTGCA GGGTGTCTAA	4380
	AAATGCAACA ATACAAAGGT AGTTGCAAGA CAAGTTGCCT TATCTAGACC ATTTGTGTTT	4440
25	TATGCGACCA AACTTCCTAAA TTAACTTGA AATAAGCCAA GTAATTAAAA ATAATGCAAC	4500
	TAAAATATAG CCTAAATAAT CAAATTCGAT CGAACCAATG AATGCCCAA ACGCACCATG	4560
	TAAATCTAAC TTATCAGCAA GAATTTGTAG CAATTCATC ATCCCAATCA CTAATGCTGC	4620
30	CATGACTGAT ATCGCAGTAA TCGTTATATT GTAATAGATT TTGCGAATAG GATTGAAGAA	4680
	TGCCCAATTA TAGGCATACT TCATTACAAC ACCATCTAAT GTATCCAATA AACTCATACC	4740
	TGATGCGAAT AAAATTGGTA AAGATAAGAT TCCGATAAAT GAAATGGCTT GTTGTGATGC	4800
35	GCCTGAAGAA AGAGCGAGTA ACGCAATTTC ACTAGCTGTA TCAAAACCAA GTCCAAATAA	4860
	AAAGCCAAGT GGCAATACGT GCCAACTACG CGTGATTAAT TTGAAATAAG GTCCTACAAA	4920
40	TCGAGAAACC AATCCTCTAG ATTCAAGTAA TGCATCGACT TCAGCTTCTT CAATGTGTTT	4980
	ACGACGTAAT TTAGCGAACA AGTTAATTAA AGAGATTAAA ATAATTAGAT TCAACACACC	5040
	GATAAGCACT AAAAAGAAAC CTGAACTAG TGTACCAATC GTTCCACCAA TATCTTGGAA	5100
45	ATGCGGTAAT TCATCTTTAG CCCATTTTAC AGATACCCCT AAAAAACAG CCATTAAAAA	5160
	TACGACAGAT GAATGTCCAA TTGAAAAATA GAAACCCACA CCAGATGGAT CTTTGCCTTG	5220
	CTGTAATAAT TTGCGaACCG TATTATCTAT TGCAGCAATG TGATCTGCAT CAAATGCATG	5280
50	ACGCAACCT AATGTATATG CAAGAATCCC CaTACCAAAT AAGATATGAT GGTCTTTTCC	5340
	AGCAATCCAT AAAAACTAA ACCCAATAAC GTGTAACAAA ATGACAATAG CTATGTATGG	5400

55

ATATTTAATC ATACTGTATG TTCAATGGGC ACTCTAGTAA TAAGTGTTCA TATAACAAAA 5520
 ATGTTATGCC AAATTATTTG TTATATAAAA ATATACATGT AACCACAAAA GATTTTTTGC 5580
 5 GATATATATA ATTTGATAAA TTAACCAACA ACAATGTAAG ATGTCACTTT GCTTAACCTG 5640
 GCATCCTTTT TATGATTTTC AAATTCAAAA AAATGAGCAA AATGAATCTC TTAcCAGTT 5700
 TTTAATATTT CaATACCATG CATGGAACCT AAGCACCCAT GTGTGATGCT GGAATGGATA 5760
 10 TTGAGACTAG CAACCTGATT GTAATGATTA GATAGTTCTT GAATTAATAT TTGAGGTCCG 5820
 TATATGTCAA AGCGGCCAGG GACAGACCAA ATAAATTCTG TTGTAACCAG TGAACGTAAT 5880
 AATCAATAT CTAATGCTGC TGTAACAACT ATAAAATCTA TCATTTGTTG ACGTTTAGGC 5940
 15 GCATGATTGC ATGACACATC TCCTGTTAAC TTAAAAGGTA ATGATGACTG AACTTCCGTT 6000
 TTAAAATGTA GTTGGTGCTG AAATAAAGCT TGTTT 6035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 273:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1039 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 273:

30 TTTTGAACAG CCATATTTAT TCACCCTCAA CATCATTATA ATGGTATTAG TCGCATTACC 60
 TTCACCTGTT TTAGCTATAT ATGATTATAT GAGTTTtaga ATTTCTTCTG CTATTTTACA 120
 ATTTCTAGGG GCTATCTCTT GGTTCTTTT ATCATTGATA TTATCGCTCA CACAATTTAC 180
 35 ACCTTTTACA TTAGCGTCAT TTATAACTTC AATTATTTTG TTCACAAGCA CAATTATCAC 240
 ATTAGCCATT GGTGGTAAGT CTGTTGAAAA GAATGATTCC CCTTAAATTC CAAATGAAAA 300
 40 AAAGGTTCTG AAGGCCGCTA TAAACACAG TTTTTCAGAA CCTCTATACT TCTATTCAAT 360
 GATATATGGT TTGCAATTTT CTACCTTTAA ATCCACAGCT TCTGCCCTTG AAACCTTGTT 420
 AAAATAAACC ATCAAACAAC GAATGACAAC TTGATGTGCA ACAATGACAA TATCATCTTT 480
 45 TTGTGTATCT TCATTGACAA CATGATTCAT AAAATGTTCT ACGCGTTGAT ATACATCTTC 540
 ATAACCTTCT CCTTCAGGCG CTTTTTGTA AAAACTATGA CGAAAGTCTT TAAAGTTTGG 600
 ATCATTGAAA TATTTTTCAT ATTTCCGATT CGCACTGATT TCATCTTTAT ATTCACCCTC 660
 50 AAATACGCCA AGTGAACGTT CTCTTAATAG AGGGGTAGTC GTTGATGCAA TGTCATATGG 720
 AAAAAATGTT TCAAACGTTT GCTGTGTTCT TAATAAGTCT GAAACATATA CATGTTTAAT 780

CGGCACATCT AATTGTCCAC AAAAATAAGA TCGAAAATGT TTATTATCAT AATTCGATTT 900
 TGATTCGCCA TGTCTAACTA AATAAATCGT CATAATATTA CTCCTTACCT TATGTATTTT 960
 5 ATATCTACCA TAACACTTTG ACTACTAATT CGATATCAAT CTTAATATTC TATTCTAAAA 1020
 AAAGAATTAA TTCATATnT 1039

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 274:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1496 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 274:

GAGAGAATnT GCAATTAGTT ATTCAATTAG TTGATTTAAG ACATGATCCA ACACAAGATG 60
 20 ATATCTTAAT GTACAATTAT TTGAAACATT TTGATATTCC TACTTTAGTT ATATGCACTA 120
 ArGAaGACAA AATTCCaAAA GGTAAGGTYc AAAAGCATAT TAAAAATATT AAGACACAAT 180
 25 TAGATATGGA CCCAGACGAT ACAATTGTAA GTTATTCATC AATTCAAAAT AATAmaCAAC 240
 AACAAATATG GAATTTAATT GAACCGTATA TTTCATAGTT TTTGTACGTC AAAACTTATA 300
 CAAAAATTTT AAAAATAATG TAAGCACGAA ACTTTTAATT AGTACACAAT TGATAACATT 360
 30 TTTCAACGTT CATCATTTTG TCAAAAACTC AAAAGTAAAT TAGAAAGATT ATAATTTATT 420
 TAAGCATCGT ACTTAATTGG ATTTTAAATT ATGTTATAAT ATTTGTATTG TTAGTATATA 480
 TGGGGGCTTT TCAATGCGAT TTTATTGCAA TTAGTATAAA TCATCGCACA GCTGATGTgC 540
 35 ACTAAGAGAG CAAGTTACTT TTAGAGATGA TGCCTTACGA ATTGCCCATG AAGATTTATA 600
 TGAAACTAAA TCTAyTTTAG AAAATGgTCA TATTaTCAAC ATGTAATCGA ACTGAAGTAT 660
 ATGCTGTTGT TGATCAAATT CACACAGGTC GTTACTATAT TCAACGATTT CTAGCTCGTG 720
 40 CATTTGGATT TGAAGTAGAT GATATTAAAG CAATGTCAGA AGTAAAAGTG GGGGACGAAG 780
 CaGTAGAACA TTTATTGCGT GTCACtTCTG GTTTAGATTC AATCGTACTT GGAGAAACTC 840
 45 AAATTTTAGG TCAAATAAGA GATGCATTTT TCTTAGCGCA AAGCACAGGT ACGACAGGrA 900
 CAATTTTAA TCATCTATTT AAACAGGCAA TTACTTTTGC AAAAAGAGCA CATAATGAAA 960
 CAGATATAGC TGATAATGCT GTAAGTGTGT CTTATGCTGC GGTGAGTTG GCGAAAAAAG 1020
 50 TATTTGGCAA ATTGAAAAGT AAGCAAGCTA TCATTATTGG TGCAGGGGAA ATGAGTGAAT 1080
 TATCACTATT AAATCTTCTT GGTTCTGGAA TTAGTgATAT TACAGTAGTA AATAGAACAA 1140

TACCAAATTT ACTTGAAAGT GCAGATATTG TGATTAGTTC AACGAGTGCA CAATCTTATA 1260
 TCATTACAAA TGAAATGATA GAAAGAATTG CAGAAAATAG AAAGCAAGAT TCACTAGTAT 1320
 5 TGATTGATAT TGCAGTTCCT CGAGATATTG AACCTGGTAT TAGTGCCATC ACAAACATCT 1380
 TTAATTATGA TGTGTATGAC TTAAGAGGTT TAGTTGATGC AAACCTACGT GAGCGACAAT 1440
 TAGCGGCTGC AACAAATTCG GAACAAATTC CTACAGAAAT ACATGCACAC AATGAG 1496

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 275:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4826 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 275:

CTTGATTTTT TCCCTTAGT ATTTTCCaTt TGanTGTCGC AGCTTCTAAA TCCTGCTTTG 60
 GTTCTCTAGT GAACCTCATA ATTAAAGCAG CTACAACGAA' TGATACAAGT GCAGCAAGGA 120
 25 AGACACCGAG TAACATGTGC AAGAATTCAC CTCTAGGTGC ATTTAAACAG TAACTATAA 180
 ATGAACCTGG TGACGCGGGA CTTTAAATC CAAATCCTGT TGCTTGATAA GTTGCAACAC 240
 CAGTCATTCC ACCTAAAATA ACAGCGATAA ATAATAAGG ACGCATTAAAT ACATATGGGA 300
 30 AATAAATTC ATGAATACCA CCTAAGAAGT GGATAATTCC AGCACCATAT GACGTTGCTT 360
 TTGCAGTGCC TTTTCCAAAA ATCATATAAG CAAGTAAGAT ACCTAAACCT GGTCCAGGGT 420
 TAGATTCAAT TGTGTATAAA ATTGATTGAC CAGCTTTTGC AGCTTGATCT GCACCAAGCG 480
 35 GTGTGAATAC ACCATGGTTA ATCGCATTGT TTAATAATAC AATTTTGTGA GGCTCTACTA 540
 AAATACTTAC AAGTGAAGT AGGTGTGCAT GTACTAATGC TTCAACTGCC ACTGATAAAA 600
 TATGCATAAT AAATTCATA AGTGGTGCTA AAATTTTAAA TCCTGCAATC GTCATGATAA 660
 40 ATCCTAAAAT ACCAGCAGAA AAGTTATTAA ATAACATTC AAAACCTTGC GCGTTCTAG 720
 GTTGAATCAA TTGGTCGGTC TTCTTCATTA ACCAACCAAC AAGTGGACCC ATAATCATTG 780
 45 CACCAAGTAA CATTGGTGTA TCAGGTAATG CAACGATGAC CCCCATAGTT GCTGTTGCTG 840
 CGATGATACC ACCACGTAAA TCATAAATTA AACGACCACC ACTAAATGCG ATCAATAATG 900
 GGATTAAATA AGTAATCATT GGTCTGCTA AAGTAGCTAA ATCTTTGTTA GGTAACCATC 960
 50 CATTATCTAT AAAAATGGCC GCGATAAAAC CCCAAGCGAT GAAAGCGCCA ATGTTTGGCA 1020
 TGATCATACT ACTTAAGAAT GATCCAAATG CTTGAACACG ACGACCAATT CCTTTTTTCT 1080

EP 0 786 519 A2

	GAGAGGTTAC TTGTTACTCA ATATAAACAA AAATCAACTT TGTCAAAATA AATGTGACAA	1200
	AATTAAATAA AGTGTGATCA ATGTGACAGT ATAGATATTT TGAAAAAGTA AAACAAAAAA	1260
5	ATTGTTTTAG GATTTTTTAA ATTTTATTGT GAAAATATTT GCAAAACAAA ACAACACCGT	1320
	gTACAATAAT GATTAATGGA AAGGGGGAAA GTTCGGCAGT ACAGTTAAAG CGCCTGTGCA	1380
	AATAAATATT TGTATTTGAA GATTAAAGGT TAATATATGA GTGGCCTTTA TAGAGTGCAA	1440
10	TATATGTATT TGTAGACGAG GAGGATAGTG ATCGAATAGA TCGGCGGATG CTATCCCGGA	1500
	TGTGGCTCAT TCGTTAGCTT ATTAAGTAAA ACATTAGGGT GACTTAATGG ACAAAGTTAA	1560
	TAAGATCGCC AGAAATTGAA TATAAAAAAT ATTAATATGG AAAGTACAGT GTGAGCAATT	1620
15	TGTATAGTTG TAAAAATAAC TATGCTTAAT TTGTTATGGA TGAATGCGAT GATAGCATGT	1680
	TCCTATTTAT ATTATGAAAG CAGATTGTCA ATCTAAATTA TCGGCAATAA ATCATAATTT	1740
20	ACGCGTACTA TTCCAATATG GAGGAAAATG TCGTTATGTG TGGAAATTGTT GGTATATTTG	1800
	GCTATGaTAA TGCCAAAGAA TTATTATTAA AAGGTTTAGA AAAATTAGAA TACAGAGGTT	1860
	ATGACTCTGC AGGTATCGCA GTAGTAAATG ATGATAATAC AACTGTATTT AAAGAAAAAG	1920
25	GTCGTATTGC AGAATTACGT AAAGTTGCTG ATAGTAGCGA TTTTGATGGA CCTGTTGGAA	1980
	TCGGTCACAC ACGTTGGGCA ACACACGGTG TACCGAATCA TGAAAACCTC CATCCACATC	2040
	AATCATCAAA TGGCCGTTTT ACTCTAGTTC ATAACGGTGT TATTGAAAAC TATGAAGAGT	2100
30	TAAAAGGTGA ATACTTACAA GGTGTATCAT TCATTTGAGA AACAGATACA GAAGTTATCG	2160
	TTCAATTAGT TGAATACTTT TCAATCAAG GACTTTCAAC TGAAGAAGCA TTTACAAAAG	2220
	TTGTGTCATT ATTACATGGT TCATATGCAT TAGGTTTATT AGATGCTGAA GACAAAGACA	2280
35	CAATCTATGT TGCTAAAAAT AAATCACCAT TATTATTAGG TGTGGTGAA GGTTCATG	2340
	TTATCGCATC AGACGCACTT GCAATGTTAC AAGTGACAAG CGAATATAAA GAAATCCATG	2400
40	ACCATGAAAT CGTTATTGTT AAAAAAGATG AAGTTATTAT TAAAGATGCA GATGGAAACG	2460
	TTGTAGAACG TGATTCATAT ATTGCTGAAA TTGATGCATC AGATGCTGAA AAAGGTGTTT	2520
	ATGCACACTA CATGTTAAAA GAAATTCATG AACAACCAGC AGTAATGCGT CGTATTATTC	2580
45	AAGAATATCA AGATGCAGAA GGTAAGTTGA AAATTGATCA AGACATCATC AATGATGTTA	2640
	AAGAAGCAGA CCGCATTTAC GTTATTGCAG CAGGTACAAG CTACCATGCA GGTTTAGTAG	2700
	GTAAAGAATT TTTAGAAAAA TGGGCTGGCG TACCAACTGA AGTACACGTT GCATCAGAGT	2760
50	TTGTCTACAA CATGCCATTA TTATCTGAAA AACCATTGTT CGTTTATATT TCTCAATCAG	2820
	GTGAAACTGC AGATAGCCGC GCCGTATTAG TTGAAACTAA TAAATTAGGT CATAAATCAT	2880

55

EP 0 786 519 A2

	TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTGCAG	3000
	TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT	3060
5	TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA	3120
	TTATGGAACA AATTGCTACA GATTTCTTAG AAACAACACG CAATGCATTG TTTATCGGAC	3180
	GTAATTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA	3240
10	TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG	3300
	AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTTATCA ATTCTGGTA	3360
	ACGTTAAAGA GGTAGTAGCA CGTGGTGAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG	3420
15	AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCTC ATGTACATGA ATTGTTAACG CCATTAGTAT	3480
	CAGTGGTTGC ATTACAATTA ATTTCACTAT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG	3540
20	ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACTTT TTAGAATCAA	3600
	TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTTGTAGATT AATCGACTAG AAGGGTGCTT	3660
	TTTGTAGTGC ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT	3720
25	GTTTTATTTA TTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTTAT GTTAATATGA TTTTATGAGA	3780
	AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC	3840
	GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA	3900
30	AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTTAAATG	3960
	CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGTTA ACCTTTTCGG TAAAATGCCA GGCAAGGTAG	4020
	GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAAGGAAA	4080
35	AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG	4140
	GTGTTTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG	4200
40	TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC	4260
	GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCACAGGT TTTAATTTTA GATGAGCCAG	4320
	CAGCTGGTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG	4380
45	ATTCATATCC AACGCTTGCG ATGATTTATG TGACGCACTT TATTGAAGAA ATAAGTCTA	4440
	ACTTTTCCAA AATTTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG	4500
	ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTTCCAGAA AAATGTAGCA GTTCAAAGAT	4560
50	GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTTAG AGTAAATATT TTGCAAATAA TAAGTAATAA	4620
	TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA	4680

55

AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTGGC AACAGGACGT 4800
TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4846 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
10 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

15 GAATAAAAAG TAAAATTACT CGCCTTTGTT ACCTTTTACT TTATCAATaA AATCAGTTGC 60
TTTTTCTTTT GCATTTTCAA CGAATTCTTT CGCTTTACCA GAAGCTTTAT CTTCTTTACC 120
20 TTCGTTTTCT AAATTTTAT TATCAGTAAC ATTACCTACT GTTCTTTAA CATTACCTTT 180
TGCTTGTTCA AATTACTTTT CGTCTGCCAT AATAAATGCC TCCTCGGAAT AATTAAATGT 240
TATATATAAT ACTTACCCAC TGAAAAATTA TCTAAACATT TTACTTAAAT AATTTTTGAT 300
25 ATTGATTTGA CGTCATTTTA TAACTAGCGA AATAGATTCA TCATTAACTT GAGGGAGTGG 360
GACTGAAATA ATAAAGAATC ACTAATGATT TATGATGTAT TAGTCACTAG CCATGTGAAA 420
TTAAAAATAA GAATAAATGA GTAGCAGCA TGCATATAGG ATTTTACTTT ATCCGTAATA 480
30 GCATCTCATT CCTAAATATC ATATAAATAC CTGTTTAAAT TAAAAAGCCC AGCAACATCA 540
CGTTACTGAG CCATTAATAT GATTTATTTA GCAGGAATAA CTGCACCATT GTATTTTTCA 600
TTAATGAAGT CTTGAATATC TTTAGATTGT AATACTTCAA TTAATGCTTT GATTTTCTTA 660
35 TCATCTTGAT GTCCTTCTTT AACAGCAATT AAGTTTGCAT AAGGATTATC TTTCGCACTT 720
TCTACAGCAA TAGAATCTTT TTTAGGATTT AGTTTTTGT CGATTGCAAA GTTCGAATTA 780
ATGATAACAG CATCAGCGTC TTCATTTTGA TAAATTTTAG GTAAGAATTC TGCTGATTGT 840
40 TTATTATTAA ACTTAATATC TTTTTTATTC TCTGTAATAT CACTAAACTT AGCATCTTCA 900
ATTTTACGC CTTTTTGAT TTTAATTAAA CCTGCATCAA CGAAGAATTT TAAGAAACGT 960
45 CCTTGTTTCA CTGGATTATT AGACACATAG ACTGTTGCAC CTTTTGGTAA TTCTTTTAAA 1020
CTTTTATACT TTTTAGAGTA TACAGCCATA GGTCTAAGT GAACATCACC GGCACCTACG 1080
ATTTTGTAAC CTTTATCCTT TTTCTCTGTG TTAAATATG GTGTATGTTG GAAATAGTTT 1140
50 GCGTCAATTT CACCTTTGTC TAGTAATTTA TTAGGTGTAG TGTAATCGTT AATTGTTTTA 1200
ATATCTAGTT CATAACCTTT TTTCTCTAAT AATGGTTTTG CTTTTTCTAA AATTCAGCA 1260

55

EP 0 786 519 A2

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAT GAAACCCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTCC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTTCTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGGTGctGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAATAA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
20	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTCGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCATTTTCAT TTATAATTTC ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
25	CTTAACACCT CCATTTTAAC TTGTCGCTCA ATTAACCTT TTTCGAATTT TCCGAAATCT	2160
	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTGTATTT	2220
	TTAATATTG CTCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTCTGTAA AGATGTTTCG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTCACAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTGTTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTCA	2520
	TGCGTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTCTCTAA TTTTtagTAG TAGATCTAAA	2580
40	ATTTcATCTG TTGTTGCGG ATCAAGTGCA CTTGTTGCCT CATCACAAG CAAGACCGTT	2640
	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTTCTCTA CCTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
45	GCTTAGCTCT CCTTCTAGGG ACACCTGCAA TTTCAAGCGG AACATAATA TTTTTTAAACA	2820
	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TTAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTTG	2880
	CTCTTAATCC ATTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAAACATTC GAATCAAAGT ACTTTTTCCT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060

55

	TTCTCCCTG TGTGCTTAA TAAAATAAAA AATGCTTTCT CAATATCGAT AGAAAAATTG	3180
	AGAAAGCAAT AGTAGTATTG TTTCTCTCAT CTTCAAAAGT TAAACTTTA TGTGAATTGG	3240
5	CACCATTTCT ATATAAGACG GTTGCCGGGC TTCGTAGGGC ACATCCCTCC ACCACTCTCG	3300
	ATAAGAGTTT ACGCATCATT TAATTTGTAT TAATCCTAAC ACCTTAGTAA AATTTGTC	3360
	ATAACTATTT TAAATTTTCT AACAAATCAG TCACCGATTT AAATGCATAA ATTCGTTT	3420
10	CTTCTTTATC TTTATTCATC AACAAATAAAA TCGGCGTAGA CATGATTTGC ATATCTTTAC	3480
	AAACTGAGG ATAAAAGTTT AAATCTATTT TCAATAATGG TAACTGCAAT ATTTCAATTAG	3540
	CAATGTCTAA CATTCTTTCT GaAACCTTAC AAGTACCACA CGTTGGTGTA TAACCAAAGA	3600
15	TTAAATGTTT GTCTTCCTCA TAAAATGTAG TTACATCTTT GATGTCTAAT GAATTATTCA	3660
	TTTACTAAAA CTAACCTTTC ATTATTTATA TTCGGTAAAA GAGGTGTTTC TTTCTTACAA	3720
20	GTAAGCCAT GTTTTGAAAG TACATGCGCC AAATATTGTT TGGGGCAATT CGCAACTTGA	3780
	CAGTAAGTTT TATCAATAAA TATATGTTCA CTTTCACTCA AATAACGTTT AAACCAATTT	3840
	CTAATTCGAT CTCCTTCGTC ATCAGAATCG GCTAATACAA AAACCTGTTT ATCATACAGT	3900
25	GATTCTATCA TATCATCAAG CTTATCTATA CTCATTGTTT CATGAGTACA AATAATATTG	3960
	ACTGGTTCTG CAATAACCTG TTGCACCCTT TTTTATCAG ATTTTCCTTC AACAATTATC	4020
	ACTTTATTTA CAATAGCCAT CATCATCACC CTTTAAATC AATAAACATC TGTCACGTGA	4080
30	TCATTTACAA AAATTGGTAT GAATAAAACA TAAATCACAA AAAATTTAAA CTAGCTTAAT	4140
	ATAATAATTA CAAACTCAAT GTTTGACTAG CTGGAACATT TAACATAAGC AGACAAAGGC	4200
	TAAGTCAAAA ATCAACATCC TAAAATCTAC AATGTTATAT TAACAATAGT TAACCAAAAG	4260
35	AAAATACACC TATAACAAAC TTTTCAATTA TAGCGGGGCC CCAACACAGA AGCTGATGGT	4320
	AAGT ¹ EAGCTT ACAATAATGT GCAAGTTGGC GGGGCCCA CATAAAGAAA TACTTTTCT	4380
	TTAGAAATTA GTATTTCTTA TGCATGAGTT TTA ² CTCATGT ATTCCTATTT TTAAATACAC	4440
40	ATTAGCTGTG GCTTATGAAA ACAGGCTGGG ACATAAATCA ATGTTCTATG CTCTACGAAG	4500
	TTATATTGGC AGTAGTTGAC TGAACGAAAA TGCCTTGTA ACAAGCTTTT TTCAATTCTA	4560
45	GTCAGGGGCC CCAACACAGA GAATTTGAA AAGAAATTCT ACAGGCAATG CAAGTTGGGG	4620
	ATGGGCCCCA ACAAGAGAA ATTGGAATCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTG	4680
	GGACGACGAA ATAAATTTTG CGAAAATATC ATTTATGTCC CACTCCCTAG ATTGATCTAT	4740
50	AGATACTACA CTTATTAAAG TAATATATTT TTATGATTCT CTTAGCTGCA ATCCCATGAA	4800
	TACATGTAAT CATCAA ³ CTT CATAGCCTCA AGGTCAGTAG ATTTCA	4846

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1843 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG 60
 GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT 120
 AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCGTGTG ATGAAGGCTC TTTTGATATT 180
 ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT 240
 TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG 300
 GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA 360
 AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAT TTTAAAGTTA GAGTGGCAA TAACCATCAA 420
 TCAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTTA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA 480
 TATTTAACTA ATGGTGGAAT CCTTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA 540
 ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA 600
 GGTATATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT 660
 GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAATAAT TTTTAAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT 720
 ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TTAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT 780
 TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAAACCT GGGAGACTTC AATAACAGAT 840
 TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC 900
 CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT 960
 ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAACAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT 1020
 CCATTCAAGA AGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA 1080
 AGAGAAGGAC AAAAAGGTGA GAAGACAATA ACGACrCCAA CACTAAAAAA TCCATTAAC 1140
 GGAGWAATTA TTAGTAAAGG TGAAYCgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAATGAA 1200
 TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG 1260
 TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA 1320
 GGAGAYGTAG TTAGACCACC GGTGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC 1380
 TCGATTGTAG AAAAGAAGA rATTCCATTC rAGAAAGAAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA 1440

CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA 1560
 ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT 1620
 5 CATCGAGACG AATTTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA 1680
 CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAACA 1740
 AAATATGGgA CCTGTaAAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGaTGAATTc CaTTCaGGAA 1800
 10 AGAcGTaATT TaTCCTGTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC 1843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 8536 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA 60
 25 CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA 120
 GACACATTTA ATCATCTTTG ACACCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCA AATTATACTG 180
 TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC 240
 30 CAACTTTTCA TATAAACAGA AGATACTAGG GGGAAATTATT ATTATGGCAA AACgTTCCAA 300
 ATCACAACGT TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG 360
 CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT 420
 35 AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCAAT TAAGTCACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT 480
 GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTC GCAAAGTAAA 540
 40 ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTGACCA 600
 ATCCTTTTTT ATATACAAAA ATTCCTATTA CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCCGCCAT 660
 AAAATTTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaAATG TAATAGGaAT TCATTATATA 720
 45 TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTA CTGGTA AGCTGGTACC 780
 GTTCTGTAAG TTAAATACC TGGTGACGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAATACTA 840
 CCATCGTTAT TTACAGTTC TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA 900
 50 GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTCG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA 960
 TCCCAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTT AGCACGACGA 1020

55

EP 0 786 519 A2

GTATTGTAAC CTCTATTTGT CGTTGTTGCA GATCCTGAGT TCGTAGATGC aTTACCAGTT 1140
 ACTTTCAATT TTTGACCCGG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTTAA GCTCATAATT 1200
 5 TTTTGATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGTA CT 1260
 GTATAGTATG ATCCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA 1320
 CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAT TTTTGACCTG GATAAATAAA GAAATTATTT 1380
 10 AAACCATTAA GTCGCATAAT GTTTTGGTAA GTTGTACCAT ATTTTGATGC GATTAATGAT 1440
 AATGAGTCGC CTGCTTGTA TGTGTAGTAT GATCCGCCAC CTGAGTTCGT TGATGGACGG 1500
 CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTG GTT TGGGAAAATT 1560
 15 AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT 1620
 GAAATTGCCC AACTGATTC ACCCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA 1680
 20 GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTTGC 1740
 ACTTTAAAT CCTCCTCTTG CTTAACTTTC CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA 1800
 CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA 1860
 25 CAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAATT TTATAATTAT CCCTTAAAT TATTACAACT 1920
 TATTAGATTT TACAATATCT AAATTATTAC AATTTCATAA TATTTCACTA TAAAATGATT 1980
 ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA 2040
 30 AGCATGAAC TTGCTTGTA GACGCAATAT AATTTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC 2100
 CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTTCTGCAA 2160
 CGCTTTTTGA GCTTCTTTT AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTTGTATC 2220
 35 CAAGTCTTG TCATTAAC TG CAACAATATT AATATATGGC TTTACTGCAT CTGAATTGA 2280
 TTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTTTAGG ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT 2340
 40 ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTTGTTGTG CATCTACTGC 2400
 AGTAATTTTT AAATGTTTTG GATTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA 2460
 ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGACG GTGCTTGGTT 2520
 45 TGACACATCA TTTGGAATGA CAACTTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTTGA CATCTTTAAT 2580
 TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTGT 2640
 TCCTTTATGC GCCTTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA TGTTGGAATG CATTATATC 2700
 50 AATATACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC 2760
 CACATCAATA TCATCTTTT TAGCTAATTC TTTAACCTTC TCCAAGCCT TAGTGTCATT 2820

55

	AAGTGCTACG ATAACTAACC CAATCAATCT TTTCATTCTA TCAATTCCTT TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT CATTAAATGTC TACGTATGAA TCTAGCTAGA ACATTCCCTA GCGTTTGAAT	3000
5	CACCTGGACA ATAATGACTA ATACAATAAC GGTAATAATA ATGACCGTCG TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA TACACTAAAG CTAAGTCTCC TATACCACCA CCGCCAACAG CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT CCAATAAGTC CAATAATCGC AGTGGTAATT GCTAATACTA ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA ATTAAAAAAT ATCTAATGAT TTGTAGTGGT GAAGCGCCCA TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA ATCCCCTCGT CTACTTCCAA TAATGAGTTT TCAACAAGTC TTGCAATGTA	3300
	AGGTGCCACA TATACTGTTA AAGGCACGAT GGCAGCAGTC GTACCAATTG AAGTACCTAC	3360
15	TACTAATTTT GTGAATGGCA CAATCGCAAT TAACAAAATA ATAAATGGTA GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT AAAGGATTTA AACTTGATG TATCACTATA TTGGGCCATA TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT ACCAATAAGA CACCTAATGG AATACCAATC ACTGCTCCTA AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC ATATATAGCG TTTCGTACAA TGCTTGTAAT AACTGTGCAC TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC ATATGTTAAT GcACCTCCTC AAATTGAATA TTTTCTCTT TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC GTGTCTTCAA ATTGTGATC CATATTAAAT CGAAGCCACA TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT TGTATTTCTG ACATAGATGA AAATAAAATT TTAACCTCTC TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG TCATTTATAA TCGGTTGTGT CACCTGAGTT TCCTCGACGA AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA TCGCCAACTT GTTCGTCATT CAATCGACGA ATCAATGATG TACTTGGCTC	3900
	AGTCTGTATA ACTGTAGACA CAAAATTTTG AGCAATCGTC GTTTTAGGAT GACTAAACAC	3960
	CTCTTTAAcA GTTCCTGTTT CAACCACTTT CCCCTTTTCC ATTACAGCAA CACGATTACA	4020
35	AATGTCTTTA ATAACGCGCA TTTCATGTGT AATCATCATA ATTGTAATGC CAAAGGTTTG	4080
	ATTGACATTC TTTAATAACG TCAATATCGA AGCAGTCGTT GCTGGATCCA ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG CATAGGAGTA TTTTCGGATT AGTAACAAGC GCTCTTGCAA TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC CCACCAGATA ATTCATCAGG AAATTGGTCT TTTTATCAC TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC ATTTCCGTTA CTCGTTGCTT AATTTCTGTT TTGCTTTTCT TACTTAAAT	4320
45	GAGTGGCATT GCTACATTTT TAAATACGGT AGCTGAATTT AATAAATTGA AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG ATATCTTTCT TAATATCCCT CATCATTTTA TCGCTATAAT TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT ACAATCACTT GTCCATTGCA GGCAGCTTCA AGATGATTCA CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT TTTCCTGCAC CACTATATCC AATCACACCA AAAATATCAT TCGGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT ACGTCCTTCA AAGCATCTAT TTTTGCTTC TTTTATTAA AGGTCTTACT	4620

55

EP 0 786 519 A2

	TAAGAGCATT ATATGTAAAA TTGCATATAT CGTCAATACA ATTTGCCGAA TTTTCTAAAA	4740
	AATTAAAAAA TAAGTAATTC ATGTGACAAT GACGAATTGT GAGACTACTA TGACATTTAT	4800
5	CAAATTAAAT CCATAAAAAAT GTCCACCAAT CCTCCACAAC GCAATTACTA AATATTAACA	4860
	TCGCACAAAA AAGCACTAGC ATATTCAAGA ACAACAAACG TTGAACTCAA AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA TTATTTATAA AGTATCTAGT GCTTGTTTTA AATCATCGAC TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA TACCTACAGA AATTCTTACA AGTCCGCTCTG TAATACCTTC TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG GAATGGATGC ATGTGTCATC AATGCAGGTA CTGAAATTAA ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC TTTCAGCTAA TGTGTAATAC GATGTTGCTT TAATCAATTG TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT TCACTTCAAA TGCAATCACA CCTGTATGGC CATCCGCTTG AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT TTAAATGACT TTCAATACTT GGATGGAACA CTTGTTGCAC AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAACA TTTTAATAAT TTCAATAACG CTGCGATTAA TTTGTTCCAT ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTAA TACCCCTCAC AAGTAAATAG CTATCTTGAG GTCCTAAAAT GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA TAAATGCTAA ACGTTCTGCA AGCTTGTCAT CCGATGTTGC AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT CACTATGTCC ACCTAAATAT TTCGTTGCAG AATGTAAGAC AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA ATGGATTCTG ATAATAAGGT GTCATAAATG TGTATCAAC AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT CTTTCGCAAT TTCAGCAGAC TTTTAAATGT CAGTAACACG TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG TTTCAATAAA CAACATCTTT GTTGTGTTGGC GTATCGCTTG TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG TTGTATCTAC AAAATCCACT TCAATGCCAA ATCGTGTAAG TACTTTTGTC	5760
	AATGCGCGAT AAGTACCGCC GTATACATCT GAATTTAAAA TAATATGATC TCCTTTGTCC	5820
35	AACAGCATAA CAACTGCACT GATTGCTGCA ACACCTGAAC TAAATGCAAA GCCATGTTTG	5880
	CCATTTTCTA ATGTCGCAAT AACGCTTTCT ACAGAACTTC TTGTTGGATT CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTTCAT ATCCTTGACG TAAATCACCA ATATCATCTT GTAAATATGT ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG TTGTAACGGC ACCTGTATAA TCGTCTGTTG TGTGCCCACC ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTCT TGTTCATTAT TATTCTCCTC ATAATTAAAT ATTTGCTTAG ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA TCTGGAAATA CGACAACAAT CGTACCTTCA GATAATTGCG CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT TGTAATGCTG CACCTGAGA ACTGCCTACT AACAACCCTT CATTTATAGC	6240
	CAAACCTTTG ACATTTTCGAA AGGCATCTTG ATCTTTAATC GTAAATATCC CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT AAAAAATATCG GCCATTTCTC AGAACCGATA CCTTCAGTGT CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT CCATTTAACA CGGACCCTTC TGGCTCAACG GCATAACATT GCACGTGATG	6420

55

EP 0 786 519 A2

	ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC	6540
	CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGATTCAT ATAAACGGCA CCATATTTTT CAGCATAGGA	6600
5	ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCCTTG AAACCTCTGC	6660
	ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT	6720
	ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCCCT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT	6780
10	CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA	6840
	ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATTGTTCAA GCTTGGCATA	6900
	AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTT TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA	6960
15	ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT	7020
	CTTCATGTCT CAATTTTAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CATTTTGTTA	7080
20	TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACCAGTA CTAAATTTTC AATTCCAAAC	7140
	AAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTAACATAA	7200
	TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA	7260
25	CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAATAT TGTGTGAATA ATTTTTTATC	7320
	TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTCGA	7380
	AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAAATCGT TCCCGCACCG AATCTTACAT CTTTTAAGAT	7440
30	ACCAAAAGAT AAGGTTGCTG GAATACTAAT GATAAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC	7500
	GACTTTTTTA CGTTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA	7560
	AGAAATAGAT GACGTTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA	7620
35	TGTGCCTAGA TGCATTTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC	7680
	TTCTTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGGAAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC	7740
40	AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCTTT	7800
	AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA	7860
	TTGACCTAGC GCAAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTAATAA	7920
45	AAATTTTACA CCTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA	7980
	AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATAACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC	8040
	TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTAAACCA	8100
50	AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTTGGAGA TGATTGATGC GTTGAAATAT	8160
	AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA	8220

55

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATT TCCCAACAGT 8340
 GAATTCCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400
 5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460
 GATTGCAGAA CcCGCACTAG CTAAAATAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520
 TCTTTTCATC ATTAC 8536

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4328 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

GCTTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGtKGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60
 TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCCAAT CATTAAACAAA 120
 25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180
 CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240
 30 AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300
 CAATGTTATT GATTTATCTT TATATTTATC TAAAAATCGG TCTAACAACG TCGTAATATA 360
 ATCAAAAATC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420
 35 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 480
 GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTTG CTTCATAAAA 540
 TTTATAATGT GTCATGAATC ATTTCACTCA ATTTCTGGTA TAAAATTTGA TGCTGTTTAA 600
 40 AGTTATCTTC GCGATTCGTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACAATGTGG 660
 CATTTTTAAA TTCTGAAACA CTGTTAAAC GTTTAAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720
 TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAAATAG TCAGTTGCAC 780
 45 TTTCTTTTGG TGGTAAATAT GAAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAT AATACAATAT 840
 TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAAATGATA 900
 50 AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 960
 TACCATCAAT ACCATTTCGA CCACGATTCG CATAGACATC TATATTTTTA TTCAATAACA 1020
 AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080

EP 0 786 519 A2

TAATTCTTTT ACGCCCTTTT TTCTCTAAGC ATTGCCATTT TTCTAACCAA CTTACGCGAT 1200
 TAACTGTCGT GTCTTCCATT AATGACCTAA AGAAATCATT CGCAGAAATC TCATATGAAA 1260
 5 TATCTGGCGC TATCGGAAAG ACATCAATCT TATCATTGTT TTGCACTAAT ATTTGAAATG 1320
 CATCAGTTTT CTTTAACCAT TGATTTAACT TTTTAGAAAT CACTGGTTTC CCAACACGAA 1380
 10 TTACGAAATC CACATTTAAG TCTAAGCCGC TTCTAAACAG CAAATCATAT GTACAGATAA 1440
 CATTGCGATG ATCAAATTTT CTTAAATGAC TTAAAGGATC AGCTAAAATA GGCAAATCAT 1500
 ATATCGTTGA ATACGTTAGT ATTTGaTCAA CTTCTTGGTG CTGCATATCC CCTACAATAA 1560
 15 TTAAACCTTT TTTCTTATTT AAAATGTGTC TTAATGCCGA TGCATCTATA CTTTTTTGAT 1620
 AGTGCGGTAA AATCTTCATC TCAGAAGTTA ACAATTCTGT TGCATTCAA TCAGGTGTGA 1680
 ACGGATCTCT AAATGGCAAG TTAAAATGAA TTGGCCCTTT ATGTGGTCCA TATAAATATT 1740
 20 GACTAGCAAT TTGCATTTGA TAGTAAATTG CATCAATGGT CTCTTTACTA TCATCCGCAA 1800
 TAGGCATATC GAACTCATAA CTTACATAAT TATTAAACAT ATTTACTTGA TTAATCGCTT 1860
 GTGGTGCGCC TACACTTCTT AATTCATGCG GACGGTCACT TGTAAAACG ATTAAAGGAA 1920
 25 TTCTACTAAT TTGGCTTTCA GCAATTGCAG GCGTATAATT CGCTGCTGCT GTACCTGACG 1980
 TACATAATAT AGCGACAGGT CTTTCACTGC CTTTAATTAA CCCAACTGCA AAAAACGCTG 2040
 CACTTCGCTC ATCGGGGTGT ATCCATGTTT TAATATTTGG ATGTGCTTCA AATGCAAGTG 2100
 30 CAAGTGGCGT TGAGCGTGAT CCCGGA CTGA TAACTACTTC CCTTACGCCG TACGCATATA 2160
 ACTCAGATGC AAATGTAAAA ACTTGCTTCG TTAAAGCTGC TTTATGATTT CCCATTCATA 2220
 35 TCGACTCCTA ATGCATTCAT CATAGGTGTG AACTTAAGGT TCGTTTCTGC CAATTCACTA 2280
 TCTGGATCAG AATCTTTAAC AATGCCACAC CCAGCAAATA AAGTTGCTTG TGCTTTCTTA 2340
 ATAAGCATCG AACGAATTGC AACAAATAAT TCACAATCAT CGTATATATC TATATAGCCA 2400
 40 ACCGGTGCAC CATATAATCC TCGCGTACCA AATTCTTTCT GCTCAATAAA ATCCATTGCA 2460
 AATTCTTTTG GATAGCCACC TAAAGCAGGT GTTGGATGTA AATTATCAAT TAAACTAATA 2520
 TACGAATCAT CCTTCAGTGG CGCCTTTATT TCAGTGTACA AGTGATATAA ATGATCATTT 2580
 45 TTTAGAATTT TAGGCGTCTT ATCATAATGT AATTCAGTGA TATAAGGTTT AATATCATGT 2640
 AAAATACTGT CAACAACAAA TCGATGTTTCG ATTAAGTTTT TATTATCTTT TAAAAATGCT 2700
 50 TCAACATTTT TTGTATCTTC GTCCTCATCT TGTGAACGTT TAATTGTACC TGCTACAGCT 2760
 TTAGTCGATA GTATTTTATT ATTGACCTTT ATTAATTGTT CAGGTGTTTG TGAAAAGAAT 2820
 ATAGAATCTT GTGATTCTAA CAAGAATATA TAACTGTTTT TTTCTTTAGA ATATGCTTGC 2880

55

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45

ACAATTTTT CTTCATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060
 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCCTT 3120
 TTAAGTGTAT AAGTTAAAAA TGTCCCAITTA TTATCAGTTG AAATTA AAAAC TTCAGGTAAT 3180
 AAAAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240
 AACCCCTCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300
 TGTTTTAATT TTTCCAGTC TTTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTTGAAT 3360
 AATTGAATTG CTTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAAG 3420
 CGATCTCCTG CCTCATTGTC AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGTAT 3480
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540
 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTT ACTTCTTTCT TCGTCTTTTT TCACTCATT 3600
 TTATATTGTA TCATTTTTGG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAACTT ATCTTGCAAT 3660
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAAAA TATCTTTGTT ATAAAAAATA 3720
 TGATTTAAAG AGGTTTTGTA TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTGCTT CCGTAGTACC CGTTTTAGTT 3840
 GGTACAGCAG CATCTAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900
 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960
 TACTATGATT ATAAAAAAGG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020
 GTTCGCAACG GTATGAGCCC AGAGCTTGTC CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080
 GCAGCAATAT TAGGTTTGTT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140
 TTAGTATGTA TGGCTGTTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTTCCCTAT TTCATGGACG 4200
 CCTTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATTC 4260
 TTTATTCAAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTTGGT TAAGTGTACC TATAGTAATC 4320
 ACTATCGG 4328

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1450 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT	60
	TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTTTCG AGGTTTTnAT	120
5	ATTTTTATTT AAAATAGCAC ATTTATACTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG	180
	CCAAATCATG GCAAAACATC CATTGCAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC	240
	TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT	300
10	ACTAAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT	360
	TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT	420
15	TGCACCAACA AGAGAACTTG CACAACAACCT ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT	480
	TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA	540
	ACGTTGTAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC	600
20	TAAACGGGA CATTTACATG TGCACCTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT	660
	TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGGAAGATAA	720
	TGCAAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA	780
25	ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT	840
	CGAATTCTAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT	900
	TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA	960
30	TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTCATG GTGGCTTAAC	1020
	GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGarACG TATACGTAAT TtaGAATTCC aATACGTTAT	1080
35	TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCrTG TCATCaATTT	1140
	TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAACTG GTCGTGGGAA	1200
	TTATrrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTCATTAAT	1260
40	AGAAGATCGC GGTTTTGTAT TCAATACTGT TGATATTAAA GATGGTGAGT TAAAAGAAGT	1320
	TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTAA CTAATCAAGT	1380
	GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT	1440
45	TAAACAAGAA	1450

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|-----------------------------|
| 50 | (A) LENGTH: 1139 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

	AGTCAGGTAT ATCATGCCat yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC	60
5	GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATTG TAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG	120
	AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC	180
	TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTTAACAGCA ATTCAAGATG	240
10	AAGGTTATTA TGTTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA	300
	GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA	360
15	TTACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGGTAAGCAA GATTTCGATG	420
	AAATTGTAGA TTATTGTCGA GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA	480
	TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA	540
20	TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGGCGA TGTACCCAAG GTCATGGGTG	600
	TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA	660
	ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA	720
25	AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG	780
	CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA	840
	TGGGGaATGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG	900
30	AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTTATAAAT TTTAAAATAA GCCTTAACAC	960
	ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA	1020
	GTTATACTAT GGAGGATTTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG	1080
35	AGTAAATGTA TATTTttTGA ATAAATCAAG TATTAAGTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT	1139

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 2931 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

	TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTATAAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT	60
50	GCTGTGATAG GAAGTAAGAC AGCGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTCTG AGTTGATTTT	120
	AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TAAAATCAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA	180

55

	AATGAAGTTG TTAAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAAA TATACAAGAT	300
	GTTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTCCTAAG TTCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTTAATGA AGGATTTGTA CCAAAATTCA AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTTAATATAT CCAATTTTGT TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACCAAAATCA GTTTGAATTT ACTTGAAAGT GAATTAAG	720
15	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGTTCCTCGG TGTTCCAAAC TCAAAAGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTCACGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGTCA AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATTCAGCG CCATCATTTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TCGCATGA	1260
	TGATTGTTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTTC AGATGTTAAA AATCATACGA	1320
	ATGTTCCAGT TGTTGCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
35	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTT ATGGATCACG GTAAAGGTTT	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GACTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CTTACTTGA AAATAAATTG GCGCAGcTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TGCGTATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATTGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT ATACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980
55		

GCCGGATTCT CCTGGTGTGC CTGAAGGTAT TGCTAAAAAT ACAATTACAG TTCCATACAA 2100
 TGATTTAGAT GCACTTAAAA TCGCTTTCGA AAAATTTGGa AACGATATTG CTGGTGTAAAT 2160
 5 CGTAGAACCT GTTGCTGGTA ATATGGGTGT CGTACCGCCG ATTGAAGGTT TTTTACAGGG 2220
 ATTAAGAGAT ATTACGACTG AATACGGCGC ATTGCTAATT TTCGATGAAG TAATGACTGG 2280
 10 TTTTACAGAGTC GGTATCATT GTGCACAAGG TTAGTTTGGT GTGACACCAG ATTTAACTTG 2340
 CTTAGGAAAA GTTATCGGTG GAGGACTACC TGTAGGTGCA TTTGGTGGTA AAAAAGAAAT 2400
 CATGGATCAT ATAGCACCAT TAGGAAATAT TTATCAAGCG GGTACGTTAT CAGGAAATCC 2460
 15 TCTTGCAATG ACAAGTGGTT ATGAAACGTT AAGCCAATTA ACGCCAGAGA CATATGAGTA 2520
 TTTTAATATG TTAGGCGATA TACTTGAAGA CGGTTTAAAA CGTGTATTTG CTAAACACAA 2580
 TGTACCAATA ACTGTAAATA GAGCAGGTTT AATGATTGGT TATTTCTTAA ATGAAGGACC 2640
 20 TGTAATAAT TTTGAACAAG CGAATAAAAG TGATTGAAA TTATTGTCAG AAATGTATCG 2700
 AGAAATGGCA AAAGAAGGTG TGTTTTACC ACCATCTCAA TTTGAAGGTA CATTCTTATC 2760
 TACGGCACAC ACGAAAGAAG ATATTGAAAA AACGATTCAA GCATTGATA CGGCTTTAAG 2820
 25 TCGTATTGTA AAATAAATAT ACGGACAAAT TGAGAGCCTG AACTTTGTTC AGGCTChTTT 2880
 TAAATGTATA TAAGGCATGG GCGGCGACTT GATAGTGAAA GTCCACTACT A 2931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

40 AATTATGAAT GCATTACCAG TATTATTACA AAAGAACAAT TAAAAATGTT TGTATTATGAT 60
 TATGATACGC ATCTCATTAA AAATGTAAaTG GTTGACGAGC ACGTGTTAAA GGCAAATGAT 120
 ATTCAAGGAC ATGAACCATT AATCGTTAAC CTTCAAACGA TTGATGAAAC ATTACATCGT 180
 45 TTACCTATGC ATAATAGAAA AGACATGATG GTTAATGGCG GTGTACTTAT GGCACATTTA 240
 AATGCCAAAA GTGGTCCGTG GTTAAAAGAT GTGCTAAGAC AAATTGAGAT AGCGATTGTA 300
 50 ACAGGTAAAG TAAGCAACGA AGAACTGAA ATTTTGAAAT GGGTGGATAA TCATGTCAAA 360
 ATATAGTCAA GATGTACTTC AATTACTCTA TAAAAATAAA CCGAATTATA TATCTGGACA 420
 AAGCATTGCG GAATCACTTA ATATTTACG CACTGCAGTA AAAAAAGTGA TTGACCAATT 480

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTGTTGA 600
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATTC TACACAACTT GCTGCGAAAA AGTCACCTTGT 660
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCG TGTAAAGACC 780
 10 TAACGTTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840
 TGCGATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTCTTAAC TGAAATGGTT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAAACT TTGATGAAAG 1020
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080
 ATTTTtagag ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140
 20 TTTTCTGAA ATTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAG ACAAGCAATT GATTtagatt ACGATGGCTA 1260
 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGCAG ATATAGATTT 1320
 25 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTTG 1380
 GnaACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATTC A 1421

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2202 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:
 40 CCAAGTTGCC TAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GnaACGATT GAACAAGAAT 60
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTTCTA GAGTGAnGCG TTCATTACAA TGGGGTAATG 120
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCACTAATA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240
 AATTTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG AACTTAAAA 300
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAATAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360
 GGCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCGA 420
 TTTGTATGTC TCAAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAaC TGATGACGTT ACTGAAGATA 480
 55

CAAACATCGA AAGTGTAAATG CCTGGTTTTG ATTtTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA 600
 GTACAGATGT TGTATTTTAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA 660
 5 GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG 720
 TGGCAAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC 780
 10 AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTATG 840
 GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTATG 900
 GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA 960
 15 TCGTCGGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAAGCTTT AAAAACAGTA AAAATAAAGG 1020
 AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA 1080
 GACAACAGAA GGACCATTGT TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT 1140
 20 AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTTGGC 1200
 TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAAA AATTAGTAGG 1260
 TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCACTCA ATGTGTGTTC GTATTTTACG 1320
 25 TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA 1380
 AAAATCTGTT ATTAAAGACG TCTTAAAAAA TGAAAATATT GATAGTAAAA AGTTTGAACC 1440
 30 TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAAACAC CTGCAGATGC 1500
 TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgca AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA 1560
 ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA 1620
 35 CTTATTTGAG CGTGTACCAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA 1680
 TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG 1740
 TAAgTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTTATG GTTGGCGTGG 1800
 40 TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTTGA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT 1860
 TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGrtTAA 1920
 AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT 1980
 45 TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAACtGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG 2040
 AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA 2100
 50 CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTCATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT 2160
 GGCCAAAAGT TCTATGACCG TAAAGnAATC CAAAGATTTA TT 2202

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

(A) LENGTH: 785 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 285:

10 AGTGGTGCAA AGATAGGCAT TGATaATACC GCTAAGCCAG cAAGATGATG GCACGATAAA 60
 ACCTAAACAG AAGAAmATAA ATAGTAATAC GATGATAAAT AATGGTCCAC TCATATGTTG 120
 AACTAAAGAT GATGAAAAGT GTAAGATTGT ATCTGAAATC ATACCTTCAT TCAACACTAA 180
 15 ATTAATACCT CGAGCTAAAC CAATAATTAA AGATACACCT ACTAAACTTG ATGCACCATT 240
 GACAAATGCA TCTACAGTTC CTTTTTCTCC CAATCCAGAT TTACCTGTCC CAGCAATAAA 300
 CATTATTATA ATTGTAAATA TTA AAAATGTC TGAAGCCATA ACTGGGAACC ACCAACCTTG 360
 20 CGTCATAACT CCCCATACCA TAATTGGAAA TGGTAGTACA AATAATGTAA GGATTATCTT 420
 CTTACGCAAA GTAAAATGGG CACTATCGTC ATCTTTTAAT ACAGACCATT GCTGTTCAAA 480
 AGCATCTTTG TCTTCATAAG AATATGACGC TTTAGGATCG TTTTAAATTT TTTTACAGTA 540
 25 CCAATATAAA TAACTAATAA CAAAAATCGC ACCGACAATA CAAGCACCTA TTCTCCAATA 600
 CAAGCCATCC GTAAAAGTTG TACCAGCGGC ATTAGAGGCA ATTACAACCG AGAACGGGTT 660
 30 AATAGTTGAA AATGTACTAC CGACAGAGCT GGcAAGGAAT ATGGCACCAA CTGGAAACGA 720
 TAGAATCGTA TCCTAACGCT AATAAATATA GGGACTAAAA TCGGATAAAA TGCTACAGCT 780
 TCTTC 785

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 286:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 812 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 286:

45

50

55

CTAACGnGAT AAGTTGCAA nTTTATCTGA ACATCTGATG ACTGTAATTT TGtAATGAT 60
 AAAATATTTG TCACTAATAG ATATAAATAC TGACTTTCTT GAAAACTATG TACAAGTAAT 120
 TGTTCCTTTT CTATGATAGA CATATCTTTA CTATGTGATA CTAAAATATC TAAATkTCCC 180
 ATAATTGTTG TTAACGGTGT ACGIATGTCA TGCGAAATTG ATCTTAAAAA ATTTGAATGT 240
 GTCAGTTGAC GTTCAGCCTG TAACATGGAT TCTCTCGTTT GTTTAAGTAA CGTCACATTT 300

ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT 420
 GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA 480
 5 TTTTAAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT 540
 TGCAATGGTA TTGTTTTAAT TACTTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT 600
 TGCAATAATT GATTAATTTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT 660
 10 TGTTTAATCG AATCATTAAA TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA 720
 ATGGaGTAWT GGAATTTAAT TTGTnTTAAT AAAGCACTCG TTAAAATACT TGTrAAAATG 780
 CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1732 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

ATnnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACAnT 60
 TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT 120
 30 GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAAATG CAGGAGGTca AGTATATGAC TGAAATaACA 180
 TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGCACCT 240
 GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAA 300
 35 AAGAAATTAA TTagTGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC 360
 AAATfCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTT AGCAGACTTA 420
 40 CCATTGCGAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGGTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT 480
 GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA 540
 TTAGCTCGTG CAGTATTTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT 600
 45 AGTGAAGGTA CTGATTTCCC AGATTTTGAT GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA 660
 TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCGTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA 720
 AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA 780
 50 ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTCa TACATTAGAT GAAAAAGCTA 840
 AAACATTAAA TAATGAAAAT GGCCaAAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC 900

CATTCCAATT TGCATATTTA AGTTTAATGC aGGAAGAAAA GATAcAAGCA AATCATCAAA 1020
 TTACACCAGA TTCAATTGGA TTGATACTAG GATTTTTAGT TGAGCGTTTT ATGAACAACC 1080
 5 AAGAAGAATT ACATATTGTT GATATTGCAA GTGGTGCCGG TCATTTAAGT GCTACTGTAA 1140
 AAGAAGTGTT ACCTG^{ra}AtT GcGGTTATGc ATcATTTaAT TGaAGTTGAt CCAGTTTTAT 1200
 CACGTGTTAG TGTACATTTA GCAA^{ACT}TCT TAGAAATTCC TTTCGATGTG TATCCTCAAG 1260
 10 ATGCCATCAT GCCACTACCA TTAGAAGAAG CAGATATCGT TATTGGTGAT TTTCCAGTAG 1320
 GCTATTATCC AATTGATGAA AGAAGTAAGG AGTTTAAGCT AGGTTTTGAA GAAGGACATA 1380
 GTTATTCAACA TTATTTATTA ATAGAACAAG CAATAAATGC ATTAAAAGAT GCTGGATATG 1440
 CCTTCTAGT GGTACCAAGT AATATTTTTA CAGGTGAACA TGTA^{AAA}CAG CTTGAAAAAT 1500
 ATATTGCAAC AGAGACAGAG ATGCAAGCAT TTTTAAATTT ACCACCAACT TTATTTAAAA 1560
 20 ATGAAAAAGC GCGAAATCT ATATTAATTT TACAAAAGAA AAAATCGGGT GaAACAAAGC 1620
 CAGTTGAAGT ATTATTGGCA AATATTCCTg ATTTCC^{AAAA} TTCCTTCACC AATTTCCAAG 1680
 GATTTATGGA CAGAGTTAAA ATCCAGTGGG ATGGGACCAC CAAATCGTCC TA 1732

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2779 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

AAAAGAACTA GCTAAACGCA AGCAAGAAGC TATTAGTAGA ATTAAAGACT TTTCAAATGA 60
 AAAA^{TA}TAAT AGTATTGCGA ATAGTGAAAT TGGCACAGCT GATGAAAAAC AAGCAGCAAT 120
 40 GAATCAAATT AACGAAATTG TGCTTGAAAC AATTAGAGAT ATTAATAATG CGCATACATT 180
 ACAGCAAGTT GAGGCTGCAT TGAACAATGG TATTGCTCGA ATTCAGCAG TACAAATTGT 240
 AACATCTGAT CGTGCTAAAC AATCGTCAAG TACTGGAAAT GAATCTAATA GCCATTTAAC 300
 45 AATTGGTTAT GGA^{ACT}GCAA ATCATCCATT TAACAGTTCG ACTATTGGAC ATAAAAAGAA 360
 ACTTGATGAA GATGATGACA TTGATCCACT TCATATGCGT CACTTTAGTA ATAATTCGG 420
 TAATGTTATT AAAAACGCTA TTGGTGTGGT GGGTATCTCT GGT^{TT}ACTAG CTAGTTTCTG 480
 50 GTTCTTCATT GCCAAACGTC GTCGTAAAGA AGATGAAGAG GAAGAATTAG AAATAAGAGA 540
 TAATAATAAA GATTCAATAA AAGAGACTTT AGACGATACA AAACATTTAC CACTTTTATT 600

55

EP 0 786 519 A2

	AAATAATGGC GAGTCACTCG ATAAAGTTAA ACATACGCCG TTCTTCTTAC CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA GATGAAGAAG ATGTGGAAGT TACAAATGAA AACACAGATG AAAAAGTGTT	780
5	GAAAGATAAC GAACATTAC CACTCTTATT CGCAAAACGA CGCAAAGATA AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA ACAACTAGTA TTGAATCTAA AGATGAGGAC GTTCCTTTAT TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT CAAAAAGATA ACCAATCCAA AGACAAAAAG TCAGCATCAA AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA GCAGCTAAAA AGAAGAAAAA GAAAGCTAAG AAAAATAAAA AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA AATAGaGGAG CACCGATTGA CATCACATCA GTCGGTGCTC CTTTTATTTA	1080
	TTCTTTTTTAA TTAATTTATA CAATGCCTGT TGAGCGTGTT GATTGCTTC TTTGTTTTGT	1140
15	TCTCTCGGTA TCCATTTAAC AAATAATAAA TCAAAATCTT TTTCAAATAT TTCTATTTGA	1200
	TCAAAATAAG GTTTGAAATT TCGTTTTTTC ACATAACCAG CTTCAATGCT ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT CTGTATATAA TAGTGCCTTT TGAACATTTA ATTCACGTGC ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC ATGCAGCCCA TTCTGCAGTG TGGTTATCCA TTTCGCCTAA CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT GCTGCTCATC TTCTTTGATT ACAATGGCAC ATGTACTTAT GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTCGTCG CAGCATCAAA ATTTATTTTC GCCATAATAA ACCTACTTTC TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG TTAATATTAC TGTAATACAA AATATGTTGG GTAATCCATT AAAAAACACG	1560
	CATCACTTAA ATAAGTAACA CGTGTTTAAA ATACTCGCTG ATTCAAAGAT GATTTTCTAA	1620
30	TACGTALACT GTaATATACT TCCTAAAAAA ATCATCTTCA GGCTGGGACA TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC TACGATGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGA ACGAAAATGC GCTTGTAACA	1740
	AGCTTTTTTC AATTCTAGTC AGGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA	1800
35	GGCAATGCGA GTTGGGGTGT GGGTCCCAAC ACAGAAGATG ACGAAAAGTC AGCTTACAAT	1860
	AATG ^T GCaAG TTTGGGATGG GCCCCAACAA AGAGAAATTG GATTCCCAAT TTCTACAGAC	1920
40	AATGCAAGTT GGGGTGGGAC GACGAAATAA ATTTGCGAA AATATTATTT CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAAAC TTATTCTTTT GTGTAGTAAG TCGTTAATA GCCTTGATCT AACTTATCAA	2040
	TCTTACCTTT ACGATAAAAT GATTTAGCAA TATATCCAAA TGGTACATTG AAAACTGTTG	2100
45	AAGCTAATTT TAATACGTAC GTTGTAAATA ATATTTCAaA TACAaMTGTa CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA TGCGATAGCT ACAAATAAAG CTGTATCAAT TATTGrGCTT AAAAATGTAC	2220
	TACCATATGg CACGGATGAA AAACGTTTTa TcmGaACTAA ATACTTTTTT AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA CATCAATATG TTGACCAATA ATATATGCGA CGATTGAGCC TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACA CATCAAAGAT TCGTGTAAT GCTTTTTGTG CCATATCTTC TGGTGCAGGA	2400

55

CAAACTGCTC TTTTGGCAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTTGCTAAA 2520
 TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT 2580
 5 TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT 2640
 TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT 2700
 CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA 2760
 10 GAAACCGCTC AATAAATAA 2779

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 1999 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAATATAA TCAAATTCAT TTTCATCAAA TGCTTAAAA 60
 25 TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA 120
 TGTTTTCTTG TCAACAATCC AAAATCACTA TCATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT 180
 TCTTCCTTAG CTCTATTTAA AATCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG 240
 30 TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCAGT TGCAGATATT 300
 ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT 360
 TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTTGA 420
 35 GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTG TTTATATGAA 480
 TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT 540
 40 ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AAACATTATG CTCATAATTA 600
 ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCTTATTA CCATAGAACT ATAATCCTTA 660
 TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA 720
 45 TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT 780
 GTTAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG 840
 GcTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTGAAGT 900
 50 TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTCA TTTTATTAT TTAATAAAG CTTGGGTGTA 960
 TAATTCCTT TATGAGAAAT ATGTTGTCT ATAAACCCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA 1020

55

CGCTGGGGCC CAATTTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140
TTCAGTTAGA GTTGGTAACT CTTTGTTTAA AGTACATTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200
5 TCCAAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATTT 1260
CATTTCTTCT CTAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTTC A GTTTCATTCT TTTCAACCTT 1320
ACnGCCAGGA AATTCCCACA TTAAAGGCAG ACTCATTTTT TCACTTCTCT GTGCACAAAG 1380
10 AATTTTGTTA TCAGAAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTT TCATAAGACT 1440
CACCCCTCAA TTTAAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500
15 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560
ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTPTTACT 1620
TTTGGGGCGT ATTTCTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTTCATGTTT 1680
20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740
TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTATGa GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800
AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGGTATACGC GGAAAATTCG 1860
25 GTCTTGGTGA AGGTCCACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATT A GGTTTAGCGC 1920
GTTATTTAAA TGCCCCAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980
TTTCcAACTG AATTGCCCC 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1933 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

GATGACTTTT CCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAATGCG TCAAAGGATG 60
GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120
45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTAA AATACTGCAT ATTCATATAT 180
TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTTATGAAC AGTATATCAT TAACTTCTCT 240
AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTTT 300
50 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360
ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

	TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT	540
	AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC	600
5	AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTTAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC	660
	CTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACTGT TTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG	720
	AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAAACGCAC TGTATAAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC	780
10	AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG	840
	TCTATCTGTA ATATTCGCTT TAAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTAT CTAAATTTTG	900
	ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTTCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA	960
15	TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTCAA GTGGAAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC	1020
	TTTAAAAATA AATTGTCTTG TATTAAATGA TTGTTGCGG AAATACTTAC GTAATTTCTT	1080
20	ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC	1140
	AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTTCAGG TGTAACAGTA TAAACCGTTT TCTTCGAAAT	1200
	GCCGCCTTTT CTAAATTCTT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATT TACCATTTTG	1260
25	TGTTTCTAAT TCGTTGTATT CTTCTTCTTG TTCTGGCTTT AGATTTTGAT ATGCATCATT	1320
	AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA	1380
	CTTATCTTCA GGTAAAGTAAT AACCATTATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA	1440
30	TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCATTCGC CTTCAATTGTA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT	1500
	TAATACAAAA TTACTATCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCCTTCAA CGAATAACTG	1560
	AACACGTTCC CAATAGATTT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC	1620
35	CTTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC	1680
	TTCAAAAGCT TCTGTAAGAT CATTAATTGT TGCAATTTCA AATTCTTGAC CTTTAAACAA	1740
40	CGCTAATTTA nCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC	1800
	TTTTGAACCA CTTGCACTAC TACCAATCAA CGTTAGTCCT TTTTCCAATA CTAGACGTGT	1860
	ATTAACCTCT ACTGGGAACT CACTTACACC TAACAGTnCA ATGCTTCCTT CTGGTGAAAT	1920
45	GTAATCGATC ATT	1933

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|-----------------------------|
| 50 | (A) LENGTH: 2049 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	nGtNcGGnCA GATATATTGG TGGTCTTTAG TAAGTGTATC AAATTCATCA GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC ACCTCCTTAG GTTGATAACA aCATTATACa CGaAAGGAGC ATAAaCAAaT	120
	GAACACAaGA TCAGAAGGAT TGC GTATAGG CGTCCCACAA GTTTCTAGCA AAGCTGATGC	180
	TTCTTCATCC TATTTAACGG AAAAGGAACG TAACTTAGGA GCGGAAATAT TAGAACTTAT	240
10	TAAAAAAAGT GATTACAGCT ACTTAGAAAT AAACAAAGTT TTCTATGCAT TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC AGGGCGAATA ATAACAAACT TTAaCATTTA TCTAAAGGAG TGATAGAGAT	360
15	GCCAAAAATC ATAATACCAC CAACACCAGA AAACACATAT CGAGGCGAAG AAAAATTTGT	420
	GAAAAAGTTA TACGCAACAC CTACACAAAT CCATCAATTG TTTGGAGTAT GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC TGGTTGAAAT ATTACCGTGA AGATAATTTA GGTGTAGAAA ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA GCAACGGGAA CATTGATTAA TATTTCTAAA TTAGAAGAGT ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA AAATGGTATT AGGAGGATTA TCAATGAGC GACACATATA AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG TTGTGCTTCA CGGTCTTAGC GATTGTACTC ATGCCATTGC TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG TCAATTGCAG GATTGCGAAG TATAGTGACA TTCATATTTT ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA GAATAAAAAA ACTGCTACTT GTTGGAGCAA GTAACAGTGC AAGATGAGCA	840
	ATTGTCTTAA ATAATTATAT AAGGAGTTAT TAATATGACC TTACAACAAA AAATACTATC	900
30	ACATTTTGCA ACATATGACA ATTTCAATTC TGATGATGTT GTTGAACTT TTGGGATATC	960
	TAAAAACAT GCAAAATCCA CACTTTCAA ACTTAAGAAA AAAGGAAAGA TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT GTCTGGCGTG TTATTGAATC GCAATTGCAT TTAAGTGTAG TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT TTAGAAGAAC AATTTGAATT GTTAGCAAGA TTAAATGAAC AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA ATAGAAGAAC GTATCAAGTT AATGATTCGT CTAGCTAACC AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT CAATGGCAGT ATTAGAAGGT ATTTTGAAG AATTAAACT ATTAATAAG	1260
	AACTTACGTG TGTTAAACAC TGAACATCA ACTGTAGATT CATCAATTGT ACAAGAGAAA	1320
	GTTAAAGAAG CACCAATGCC AAAAGAAGAA ACAGCTCAAC TGGAATCAAT TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAACTT CTGCTGATTT GACTAAAGAT TATGTTTTAT CAGTAGGAAA AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAAGCAG ACACTTCTGA TAAGAAAGAA TTTAGAAATA AACTTAACGA ACTTGGTGCG	1500
	GATAAGCTAT CTAATATCAA AGAAGAGCAT TATGAAAAA TTGTTGATTT TATGAATGCG	1560
50	AGAATAAATG CATGAAGCTA GATCACTCAA ATAGAGCTCA TGCAAAGCTT AGTGCAAGTG	1620
	GAGCAAAACA ATGGCTAAAC TGTCCACCGA GTATTAAGGC AAGTGAAGGT ATTGCAGATA	1680

55

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCTGAAT CTTTGGTay TGGTGATGTC AtTATATTTT 1980
 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040
 10 TAGATAATC 2049

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 942 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAAT 60
 25 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120
 TTCATCTTCA TTACTCCTtt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180
 GAATCGTCCA ATCATTTCCA GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240
 30 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTCACCC ACATTAACAT 300
 CTGCAAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360
 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420
 35 TATTTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CTAATATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480
 CCTCATTTTT TGTCATTCT CTTATTTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTCACTTCAT 660
 CAATTTGAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTTAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAAAaC TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840
 ATATAAACGA TATGACGCTA CCCAAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTT 900
 50 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

55

(A) LENGTH: 1268 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaAATTAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCTTG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTTTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAAATTTA	300
	ACATTGTATC TGCATTGAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTTCG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
	CAAATTCTTG TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTGGAATGT	540
25	GTTCACCTCTC ACAATTTGGA CATTGATTCTG GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTTAATAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCACAGTTT GGACATTGCG	660
30	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
	AAACAACCTG TTCCTGTCTG TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATTCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTCAGGTA	840
35	AAGCTTGTTG GTTCACCTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CACCTTCGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTCATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAATT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACACTT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTCATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTGTC GGTGTTAGAG CGATTTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

50

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 629 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:

5 TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAaATTGTC ATGATATCAT 60
 CAATAAAATG TTGAAACTTC GTAATTTTAC CTCATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCG 120
 CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTGACAT GCGTTGACTA TAATAAACTA 180
 10 AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT 240
 TCAAAGGATA GTGTTGCGCC AATTTTAATG TCATTAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG 300
 CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC 360
 15 ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT 420
 TCGGTGCATA ACAACTAAAT CCTGGTCAT TTAAGTCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC 480
 GATTGTACC TGTAAATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTGTG CCTTTTAAAT 540
 20 ACGtGGACTC GGTGTTTTAA TTCTCATTTT TctatATAcC TCCACTatGT CTAAAGakGT 600
 TkGCTAAACG CGTTGtCGTC GATGATTAA 629

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 295:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2817 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:

35 TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC 60
 AGATFAATATC GGTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA 120
 40 TAAC TTGAAA TTATTGTCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA 180
 AATTATAGAT GCATTGGTA TGAGACCTTA TATTA AAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT 240
 GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCAGT ATCTTTArTG AATAAACCTA AATTTTAAAT 300
 45 CTTGGATGAG CCTACAAATG GkATGGATCC AGATGGCTCa ATTGATGTGC TGA CTACAAT 360
 TAAGTCTTTA GkAAATGaAC TTGATATGAG AATTCTaATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA 420
 TATTGAATTA ATTGTGATA GAGCTGTATT TTAAAGAGAC GGnCATTTTG TTCAAGATGT 480
 50 AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT 540
 TGATAGA ACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTTCCAATTA CAAAATGTCG ACAAAGCAGA 600

55

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAAGT TCATTGCGTG ATACGTACTT 720
 CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT 780
 TATAGTATAT TTAAaArTCC TTTAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT 840
 GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT 900
 GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAT GTTTGTTGTT 960
 AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA 1020
 ACACGCGTTG GAtACATTAT TTCGAAAACA ATTTCAATTa TTTTAATTTT AATATTATTT 1080
 GCATTAATTC ATTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTTG 1140
 GCGTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTACT ATTCTTTGGC 1200
 TTGTTTTTAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT 1260
 GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC 1320
 GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG 1380
 ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTCAATTAGG TTCTATAGTG 1440
 ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT 1500
 TGAGGTTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA 1560
 TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA 1620
 TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT 1680
 TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAATT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT 1740
 GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCGAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA 1800
 CGTGATTTAC CATTTGTAA ATATTGATCG ATCAGTTTGT TATCATCATC TCTATGGAAC 1860
 ACGCCTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTGA GAATTGGGAG ATTCATCATT 1920
 GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT 1980
 TTTTGTATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA 2040
 TCTTGATTTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA 2100
 GTTCTAAAT TTGTCAATTG AAAAACCTCC TTTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT 2160
 AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAATT GCAAATCTT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT 2220
 GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC 2280
 GTATTCAAAA TCGCTGGGTT GTGTTTATAT TATTTTAAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA 2340
 TTGGTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG 2400

TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG 2520
 AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT 2580
 5 TTGATGGGGG AATTGGTTTCG CCGATAAATA ACGCgATTGA AAATCTTGGa TTCgGATATA 2640
 AAAGrACaAA AGTTGGcAAT GrtTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT 2700
 TAAAATTAAA CTTACTTTAT CAAGATTTAG AAATTAAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT 2760
 10 AGCTTTAGGT CTAAAGTTw TAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC 2817

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 1607 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

TCTGTAAAA TGATTTTTCT TTTAnAAAAGG CCGnAAATCA ATGTTTCGATT nTTATTTGCA 60
 25 TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTTAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC 120
 ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA 180
 CGGATTTCTT GGcAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG 240
 30 GCCATACCAT TCAATTTGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT 300
 TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGGTA ACGGAGTCGT TGTTGATCCA GTTGCACTAT 360
 TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTCCTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA 420
 35 ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC 480
 gTGGēGACAA TAAGATTGGT ACAACTAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG 540
 40 TTCAACGTAT CGGTATTCGT ATGGCAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT 600
 TAAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC 660
 CATCATTTGA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTTG 720
 45 TAACAGACAC ATCAAAAATC TTAGACGATG CATTGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG 780
 AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA 840
 GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA 900
 50 AGGTAATTGG TGTATGTAAA GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG 960
 AATTATTCGA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA 1020

55

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTAACT CAATCGATGT TTTAACAGGC CTAGACACAG 1140
 TGAAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAAAC 1200
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320
 TTTGAGAATT ATGTAATGTA CAAATTTCTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATAACAAT GATTATAAAT 1440
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTTA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500
 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560
 15 rTTAgATGAt AtTtAACGAA AAtTAAGATG anTACTtGA ATGGTAA 1607

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3055 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACCTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60
 30 GGATTTTCAG CATGGTTATT TGATTATTC ACCTGTTTAC ATCTATTTAC TTTATTACCT 120
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180
 AATCCAATA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTTCAT CAATCAACCA 240
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300
 GACATTAAGT TGTCGTTTCG ATAAACAAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360
 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTTCATT 420
 40 ATTAAGATTA AAATATGTAT AAAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480
 CTGTCCGACT ATTCCTTCATC AAAAAACCTG ATAAACAAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540
 45 CATTTGTATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTTCTCCAC 600
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAATTGCA GTACAGAACC 660
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAAATGCAG 720
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATGTTGTC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780
 AGAAAATCGT ATAATATTTC TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840

EP 0 786 519 A2

TAACATTTTT GTGTTTATTT ATTTCCCTTT TCCAAATAAG TCTCCAACCA ATGGCAATTA 960
 AAATTGCACT AATGACAATA CATGTCGTAC TAATCGTTGG TAAAATTGGA ACGCCCATAT 1020
 5 TTTTCATCCT AACTTAATTA ATCTAGATCA AAGTAAGTAA TGAAACAATC ACAGCTAACA 1080
 CGAAAAAGAT CACTAAATAA TTTAGTGAAT ATATAAACAT TTGTGTTGCC CATTTTGT TT 1140
 GATCTGAATT TTTCTTAAAT GTTGTTAAAC CTAATGCAAT CCATCCTAAA TTTAATAAGG 1200
 10 TrGCTAACAC TacGAATACG ACACCTAAAT TTATTAGTAA TAAAGGTACT GGCAATAAAA 1260
 TAATCAACCA GATAAACATA CTGACACGTG TACGTTTAAA GCCCTTAACT GATGGTAACA 1320
 TTGGAATATT TGCAAGTGCA TATTCATCTT TACGTTTAAAT AGCTAAGGcA TAAAAATGAA 1380
 15 TTGGtTGCCA AcMAAATACA ACTAAAAACA GCGCAATCGC TGTTAAACTA ATTTGTCTTT 1440
 CAATTGCAAC CCATCCAATT AGTGGTGGTA CTGCTCCAGG AAAACTCCCA ATCACTGTGT 1500
 20 TCCATGTTGT ATGTCTTTTA GACCATATTG AGTAATAAGA CACATAACCT ACAATCCCCA 1560
 TAAGACCAAG TACGCCTGAT GGTATATTCA ATAAAAACAA ACAAATTTCT CCAACTAACA 1620
 TCATACCAAA ACTTAATAGT AATAAATTTT GATCTGTAAT TCTATTATTT ACAGTTGGTC 1680
 25 TATTTTGT TT ACTAGGCATA ATACGATCAA TATCTTGGTC GTAATAATTA TTTAACGCAC 1740
 ATGCGCCACC CATAATTAAA GTAGATCCAA ATAGCATTAA TAAAATTTGA GGTATTGATG 1800
 ATAAGAAGGA ATGATTTGTC ATTACAAC TG CTAGCCATGC GCcCGCAAAA GCCGGAATTA 1860
 30 AGTTACCTTG AACAAGTCCC ATTTTAATTA TCTGTTGCAA TTCTTTGAAG TTAACCTGTC 1920
 TAATATTTTG TGACMAAGTA TGCTCTTTGC TCATAATCCC CCTCCTTAAA TTTGTTTATA 1980
 TAAGATTATG ATATCTTAGA TTGCATAAAA AGACTAGGTT TAATAAAATT AAATTGTGAC 2040
 35 AAATTAACGA CAAGAGAAAA TGTCAATTTT GTGACACAAA TAACATTTAA TTTATTGCTA 2100
 TAATGTATAT GTTAGAAAAT TTTAATAAGT AGAATCATGC ATCTAAAAGA GATTAATATT 2160
 40 TAAGCTTCAA ATTTGAGTAA ACGTGGATTA CATAATTATC CCAATAAAAA AATCATTACG 2220
 ATTAAGTTCT TTTTATGTCG TCCACATACA ATACTTGTA AATTAAATCA TATTCCTGTC 2280
 GTTGGATCCC ATCTTTTCAT ATCCTACAAT CAGGTCTATT TATAGTATCA TCTCAAATCC 2340
 45 GGCTATTAAT TCTAATTCTC AGTGATGCGT TTTTTTATGA TGGGGTGTAT AAATTGTTTG 2400
 GCAAAAAGAA TTTAAAATGG TTAGGTGTCG TAGCAACGTT AATGATGACA TTTGTACAAC 2460
 TTGGTGGAGC CTTAGTTACC AAAACCGGAT CAGCTGATGG TTGTGGTTCT TCTTGGCCAC 2520
 50 TATGTCATGG TGCGTTGATT CCAGAAATCT TTCCTATTGA TACGATTATT GAGTTAAGTC 2580
 ATAGAGCCGT TTCAGCTTTG TCTTTATTAA TGGTCTTATG GTTAGTTATC ACTGCATGGA 2640

55

TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTTGGCA ACAAACGAT TACGTTTTAG 2760
 cATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820
 5 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAG CCATTAAGAC 2880
 GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGa 2940
 10 GACATGCCGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000
 CCACATTCAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAngGTCn nTTAA 3055

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 748 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTTAGAAAT TGTTGAGACT TTAAAAATG ATCCGTATAA 60
 25 AATAACACAA TCTTTTGAAA AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120
 TAACCATCAG CACAGGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180
 ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240
 30 TTAATTAAAG AAAGTAGTAT TTAAGTGTAG GGAAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300
 TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360
 AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420
 35 AGAAATATGA GGTTTTTAAG CGGATTCCTC ACAAATTTT AAAAATATTT AAGCCTGAAA 480
 ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTTCTGA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540
 40 ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTAAACATT TAACAGATGT 600
 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGTaACT ATATAGAGCC 660
 TGTCACTGAT CaAATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720
 45 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGAnTTC 748

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4718 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACTTTT TTTGTGAAAA AtTTAAACAG GCGAAGTCTT	60
5	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTACTAC yCTGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
10	GGCGACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAGAAC GTTTGTTAcC	240
	TGGCGGATAT TTATTTTTAT CAGATTTGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTTGTTA CCATTGCGAC	360
15	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATTTACCAG TAGTAGTGAT	420
	TAGAAAAGAC AACCAAGGTGA CTGAAGGTTT TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TCaAGACTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAAc ACAACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATTCGCATG	840
	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
30	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAAACAAGT TTTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTTGGAAGA AGCAGGATCT GATTTGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
	ATATGAATGA TTTCCAAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAT GAACACAAGC	1080
35	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGTAAGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAACTCT GGCTTGTTCTG TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATTCCG CGACATCGcg CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAC GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTCGATAA AGCATAAAGC TTTGTCGGCA	1620
	GTTTTTTTAG TTTGTATTAA TGTTTTTTTA TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680

55

EP 0 786 519 A2

	TGatGCTCGT	ATTTTGAAG	TAAGAAAAA	GTTGTTTTTA	AAATTACAAC	GAATTA AAAA	1800
	CAATGCCTTT	TATATGTTGA	AAGAGTATTG	CaGATTAAAT	TaTAATAATG	ACGAaGgTAA	1860
5	AATTTAATGG	GGGTTAATGT	TCATGCGAAG	ACACGCGATA	ATTTTGGCAG	CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG	AAATCTAAAA	AGTATAAAGT	GCTACACGAG	GTTGCTGGGA	AACCTATGGT	1980
10	CGAACATGTA	TTGGAAAGTG	TGAAAGGCTC	TGGTGTGCGAT	CAAGTTGTAA	CCATCGTAGG	2040
	ACATGGTGCT	GAAAGTGTA	AAGGACATTT	AGGCGAGCGT	TCTTTATACA	GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACCTC	GGTACTGCGC	ATGCaTGCAA	ATGGCGAAAT	CACACTTAGA	AGACAAGGAA	2160
15	GGTACGACAA	TCGTTGTATG	TGGTGACACA	CCGCTCATCA	CAAAGGAAAC	ATTAGTAACA	2220
	TTGATTGCGC	ATCACGAGGA	TGCTAATGCT	CAAGCAACTG	TATTATCTGC	ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG	GATACGGAAG	AATCGTTCGA	AATGCGTCAG	GTCGTTTAGA	ACGCATAGTT	2340
20	GAAGAGAAAG	ATGCAACGCA	AGCTGAAAAG	GATATTAATG	AAATTAGTTC	AGGTATTTTT	2400
	GCGTTTAATA	ATAAACGTT	GTTTGAAAAA	TTAACACAAG	TGAAAAATGA	TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT	ACCTCCCTGa	TGTATTGTCTG	TTAATTTTAA	ATGATGGCGG	CATCGTAGAA	2520
25	GTCTATCGTA	CCAATGATGT	TGAAGAAATC	ATGGGTGTAA	ATGATCGTGT	AATGCTTAGT	2580
	CAGGCTGAGA	AGGCGATGCA	ACGTCGTACG	AATCATTATC	ACATGCTAAA	TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC	CTGACAGCAC	TTATATTGGT	CCAGACGTTA	CAATTGGTAG	TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG	GCGTACGAAT	TAATGGTCGT	ACAGAAATTG	GCGAAGATGT	TGTTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG	AAATTAACAA	TAGTACGATT	GAAAATGGTG	CATGTATTCA	ACAGTCTGTT	2820
	GTTAATGATG	CTAGCGTAGG	AGCGAATACT	AAGGTCGGAC	CGTTTGCGCA	ATTGAGACCA	2880
35	GGCGCGCAAT	TAGGTGCAGA	TGTTAAGGTT	GGAAATTTTG	TAGAAATTAA	AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAGATG	GTGCCAAGGT	TTACACATTTA	AGTTATATTG	GCGATGCTGT	AATTGGCGAA	3000
40	CGTACTAATA	TTGGTTGCGG	AACGATTACA	GTAACTATG	ATGGTGAAAA	TAAATTTAAA	3060
	AcTATCGTCG	GCAAAGATTG	ATTTGTAGGT	TGCAATGTTA	ATTTAGTAGC	ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG	ATGTATTGGT	GGCAGCTGGT	TCCACAATCA	CAGATGACGT	ACCAAATGAC	3180
45	AGTTTAGCTG	TGGCAAGAGC	AAGACAAACA	ACAAAAGAAG	GATATAGGAA	ATAATCATTT	3240
	ACGTATTTAA	AATGGCTAGG	ATAAAAGGAT	AATCCTATGT	AATATTAATG	TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA	TTCGCATAGT	AATGGAGTTA	CATyTTATAT	ATAATAGTAA	TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG	AGGACTATAA	ATGTTAAATA	ATGAATATAA	GAATTCGTCA	TTAAAGATTT	3420
	TTTCATTGAA	AGGAAACGAA	GCATTAGCGC	AAGAAGTTGC	TGACCAAGTA	GGAATTGAAC	3480
55							

GTATTCGIGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600
 TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660
 5 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720
 TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAACAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780
 TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840
 10 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900
 TCGTTGTTcA CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGACGT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960
 AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTCTG TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020
 15 CATTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080
 AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140
 20 TTGTTGTACA CACCCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200
 AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260
 TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320
 25 ATCAGTTAGC GTATTATTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380
 TGTATAATAG TTTCGTTCTG GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440
 TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTTGAG CAAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500
 30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAA CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560
 AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620
 GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTTATCGAA 4680
 35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3181 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60
 50 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120
 ATTTCTTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GTACTATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

55

	TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG	300
	CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGGAAT AGCACTCACT GCTATCGTCA A'TTGTTAAT	360
5	GGGATTTGTA CCGTTCTTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTTGTCCTAT TATTCTTAAA	420
	TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTAG	480
	TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGGAGG	540
10	TATTATGGCA CCTATTGCTG CTTGGGGTAT TACAACAACCT GCATTTATCA ACTTTGGTTA	600
	TTTAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTIA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC	660
	AATTTCATAC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTTACCTC CAATCGAAAT	720
15	TTATAAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA	780
	AGAAATTTTA TTTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTG TGGGCAATTG CCTTTGCAAA	840
20	TATATTTGTT TATTTTCGTGC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA	900
	AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG	960
	AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCAAAG GTCGTCGTGG	1020
25	ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA	1080
	TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAAATG CTCATTAATT GCCATTGGTT TCTTAATATA	1140
	TGGACCAGTT ATGTTAATTG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG	1200
30	CACAgcAGCT GGATTAAACAG GATTATTTGG TTAICTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT	1260
	CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGT'TTTATTT TATTAACAGC	1320
	AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC	1380
35	CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA	1440
	TTCACTCTCTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT	1500
40	TGCCACTTTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTAA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT	1560
	CTAAAAGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTC TACCAATAAT	1620
	TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA	1680
45	TCAGCAAACCT CTTCAATTTT GTAIGGCCGA TTATAATTAT CtTCGTCTTT TGTCCAACAT	1740
	GTCACGAAAT ATCCCGATTT AGTCGGTGTG TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC	1800
	TCTTTAAAGC TAAATGTTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTTCTTC AGTTAAATCT	1860
50	TTAACTTCTG ATTCTTCACT AAAAATATTT TTCAACAGTA TTTTAGATTT ACACATATGC	1920
	CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTTCGA AAAATACACT	1980

55

TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA 2100
 AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATTTCAT 2160
 5 AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG 2220
 ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA 2280
 TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT 2340
 10 AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT 2400
 AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT 2460
 AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG 2520
 15 aaATTGCACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC 2580
 TAAAAATAAA TTTAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAAG ATACTCATTa AAAATGCAGG 2640
 20 AATACCGATT TTAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTCGCAA GTTTAATATT 2700
 AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC 2760
 ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACACGTTT aaATCAAAAC CAAAAATTAA 2820
 25 AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT 2880
 TGGTGCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTT TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC 2940
 ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC 3000
 30 TAAAATTGCT GCGATTTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG 3060
 TGCAATACCA CCATAAATAG AGAACTACT TACAAATTTA CTCTTAmTAT AGTCTTTTCG 3120
 ACCTAATAAA CGTGAAATAT AAGTTCCTGC ACCAACGCCA AATAAATTAC CTAACCCCAT 3180
 35 T 3181

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4029 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTTATTTG AATGATATGC ATTCGTCAAT 60
 50 TGTGCTGTT CATCCATTCA TTACAAACTC CTTTTTGCTT TTATATAAAA AGGTGCCAA 120
 AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTGTG GATTATTTTT AGAACCACAA 180

55

EP 0 786 519 A2

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACCGC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTCTC	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAACCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGTT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
15	TTAACGCTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTTGGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA cTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTCCGC ACCTACTTCA GCACTAACAT TTAAATAAAT CGTCAAGTCT GGAATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAAC TAATGAAC TAATGAAC TAATGAAC TAATGAAC TAATGAAC	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACAAGATGTT CTCTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGcTT	1080
	CaGtCtAAT GTCCATATCA TTGCCcTTCT AATACAATTT TACGTATTTC TTCACCAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGTTTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTCCAGAG CTTCTGGGC CCTCAAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAAATTTT ATTATTTTTA ATTCCTTCAA CTATCATTC	1320
	AGTTTCCAGA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTGAA	1380
35	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTCGC GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTcAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAAGTTG TGTTTGTTTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CGGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTGATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTT AAAACCCTTC TTCTCCAAAC ATTCGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGGTACT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGGAAGTAGC TTAGATATTC TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTATGAA	1980

55

	CAAAGTGC GC	GCCGTGTGCT	TCGTCAATGA	GTACAGGAAT	ATTTAATTGG	TGCAAAGATT	2100
	TGATAACCTC	TTCTACATTA	AATGTTTCAC	CGTAATAGTT	AGGATAAGTC	AACACAGCAA	2160
5	GTTTGTGACC	GTCATTATTC	AAACGGCTTA	AATTAACTTT	ATTATAATGA	TTCGTTAACG	2220
	GACTTTGATG	CGTTTCAATA	AAATGCCCTT	CTTGTTGGCT	AATATCGAGC	GCAATGTAACA	2280
	CAGATTTATG	TACATTTCTT	GCCATTAAGA	TATCGCCTTT	TTTCTGTGAA	AAAGACTGGA	2340
10	TGACAGATAA	TATTCCTGAA	GTGGTGCCAT	TCACTAAGAA	ATAAGCATCA	TAATCTGAAT	2400
	GTTTCTCCAC	CTGCTTCATA	CTTTCCAAAA	TGACTTCTTC	AGGATGATGT	AAATCAnCTn	2460
15	AATCCAGGTA	TTTCAGTTTT	ATCCATTGTC	ATTGATAATT	GAGATAAATG	ACCGATAGTC	2520
	ATATTTTTAT	GACCCGGAAC	ATGCAAAGAA	ATCGCTTCTT	CTTGATTTAA	ACTTTCTAAT	2580
	TTATTTAAAA	TAGGTTGCTT	CATGATATAC	GCTTCCTTTA	TTTACACTGT	TTTGGAATTA	2640
20	GTTACTTTCA	AAAGTATTAA	TTATATAGTA	ACACTTCTTT	GACAAAAGTT	AGTGTACTTT	2700
	ATGCAATAGC	TTGTCTATTG	TATAATAATT	AATTTCTTTT	TTGTACTTCG	ATTTAAAAGA	2760
	TATTAGACAT	AAAATCTAAA	AACAGCAGTA	AGATGATTTA	TGATTAAAAA	CTATCTTACT	2820
25	GCTGTTCACT	TTTTATAATA	CTTCTGAATG	TCTTCACTTA	TACTTCTAGT	CACAGATTTA	2880
	AATAATCAAA	AGTGCACATT	ATTAAAATAT	CAATTTTACA	CTCAATGCGG	CTCATCGCAT	2940
	TCATTTCTTG	TCTAGCAACG	TTCTACTCTA	GCGGAACGTA	AGTTAGCTAC	CATCCTCGCT	3000
30	AAGAACCTTT	CTTGACTTGT	GACAATCGCT	TGCTTCTTTC	CTCTCCTTCG	GCTCTCGCTT	3060
	ACTCATTTAG	CTCTACTAAA	CTCGTTGCGC	TCTTTTCTCG	TTTCGTCAGA	TTCAAACGTT	3120
	TTCACTTCGC	CAAGCCATTT	TTCTTTGTGT	TTACTTTTTA	TTTTGACGTT	TTAGACATAA	3180
35	AAAAAGAGAC	CTCACGGTCT	CAACTTGCCT	GGCAACGTTT	TACTCTAGCG	GAACGTAAGT	3240
	TGGCT ⁵ ACCAT	CGTCGCTAAA	GACCTTTCTT	GACTTGTGAC	AATCGCTTGC	TTCTTTCCCTC	3300
	TCCTTCGGCT	CTCGCTTACT	CATTTAGCTC	TACTAAACTC	GTTGCGCTCT	TTTCTCGTTT	3360
40	CGTCAGATTC	AAACGTTTTT	ACTTCGCCAA	GCCATTTTTT	TTTGTGTTTA	CTTTTTATTT	3420
	TGACGTTTTA	GrCATAAAAA	AAAGAGACcT	TGCGGTCTCA	ATGCGGCTCA	TCGCATCCAT	3480
45	TTTTTGCCCTG	GCAACGTTCT	ACTCTAGCGG	AACGTAAGTT	GGCTACCATC	GwCGCTAAgA	3540
	acCTTTCTTG	ACTTGTGACA	ATCGCTTGCT	TCTTTCCCTCT	yCTTCGGCTC	TCGCTTACTC	3600
	ATTTAGCTCT	ACTAAACTCG	TTGCGCTCTT	TTCTCGTTTC	GTCAGATTCA	AACGTTTTCA	3660
50	CTTCGCCAAG	CCATTTTTCT	TTGTGTTTGC	TTTTTATTTT	GACGTTTTAG	ACATAAAAAA	3720
	AAGAGACCTT	GCGGTCTCAA	TGCGGCTCAT	CGCATCCATT	TTTTGCCTGG	CAACGTTCTA	3780

55

CATGGGAACA GGTGTGACCT CCTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900
 TTCAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGA TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020
 GAACCTATT 4029

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAATAT AGGTTCAAGA 60
 ACATTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCm CAGAGTGCAA ACGCTTGACT CAATAACGAA 120
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGaGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180
 25 TGAACAGGT GGAAAACAAA TCAAAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TTGAAAAATT 240
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTACATT TGATAAAGTA TTATTTGTAG GTGGAGATTC 300
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360
 30 AGGTCGCGGT AAAAAATCA CTGTATTCAC ATACAAACGT CGTAAAAATT CAAAACGTAA 420
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT ACACTAAATT AACAATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540
 35 GGCCATGCTG accATGGTGa ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCaGCTGTA 600
 TTGF[~]TTGGTA GTGTTAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660
 GACGACAATG GTGGTCATTT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720
 40 CTAATTCCTC AAACAATGCT TGTGTCTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTC CGATGTTAAA ATTAACTTA CAATTCTTCG 840
 45 CATCTAAAAA AGGGGTAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900
 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960
 GTACTAAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020
 50 AAATCGACGG CGTTGTAA[~] TTCGAACGTA AAGGTGCGGA CAAAAACAA GTTTCTGTAT 1080
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTtTTT 1140

EP 0 786 519 A2

	AGACGTTATA CTAAATGTGC AcTGTATAAG AGCCCCTAAT CACTAAACTA TAAGGGGGAC	1260
	AAAGGAATAC AGTTGCAGCG TTTAAAGAAT AAACGTACC ACAATTGGTG CTGAGAAATA	1320
5	TAAGTATTTT AAAGCAAAGA TTTATAAAAG TAACTGCATA AGAGCCCCTA ATTATTTACA	1380
	ATATATAAGG GGCTCTAATA TGCTATAATT ATTGGGAAAA TGAAAATTAT ATGTAAAAGA	1440
10	GGTGAGATAT ATGTTTGTGCG ATCAAGTCAA AATATCTCTT AAAGCCGGTG ATGGTGGTAA	1500
	TGGTATTACC GCATACAGAA GAGAAAAATA TGTACCATT TGGTGACCAG CTGGCGGTGA	1560
	CGGTGGTAAA GGTGCTTCAG TCGTATTTGA AGTGGATGAA GGTTTAAGAA CGTTATTAGA	1620
15	TTTTAGATAT CAACGTCATT TTAAAGCAAG CAAAGGTGAA AATGGCCAAA GTAGTAATAT	1680
	GCATGGTAAA AATGCGGAAG ATTTAGTATT AAAAGTTCCA CCTGGTACAA TTATTAAAAA	1740
	TGTTGAAACA GACGAAGTGT TAGCAGATCT TGTGAAGAT GGTCAAAGAG CTGTAGTAGC	1800
20	GAAGGGCGGT CGAGGTGGCC GAGGTAATTC ACGTTTTGCA ACACCTAGAA ACCCTGCACC	1860
	TGACTTCAGT GAAAAAGGTG AACCAGGTGA GGAATTAGAT GTATCTTTAG AATTGAAATT	1920
	ATTAGCTGAT GTAGGATTAG TAGGTTTCCC TAGTGTGGGT AAATCGACTT TATTATCTAT	1980
25	CGTTTCAAAA GCTAAGCCTA AAATTGGGGC ATATCATTTT ACAACGATTA AACCAAATCT	2040
	AGGTGTTGTT TCAACGCCTG ATCAACGTAG TTTTGTTATG GCAGATTTAC CAGGTTTAAT	2100
	TGAAGGTGCA TCTGATGGCG TTGGATTAGG ACATCAATTT TTAAGACATG TAGAGAGAAC	2160
30	AAAAGTTATT GTTCACATGA TTGATATGAG CGGTTCTGAA GGTAGAGAAC CTATTGAAGA	2220
	TTATAAAGTC ATTAATCAAG AATTAGCTGC GTACGAGCAA CGTTTAGAAG ATAGACCTCA	2280
35	AATCGTAGTA GCTAACAAGA TGGATTACC TGAATCACAA GATAATTTAA ACTTGTTTAA	2340
	AGAAGAAATT GGCGAAGATG TGCCAGTTAT TCCAGTTTCA ACAATAACGC GTGATAATAT	2400
	TGATCAATTA TTATATGCAA TAGCAGATAA ATTAGAAGAA TATAAAGATG TTGACTTCAC	2460
40	AGTTGAAGAA GAGGAGTCAG TTGGCATTAA CCGAGTATTA TATAAACATA CACCGTCACA	2520
	AGATAAATTT ACAATTTCAA GAGATGATGA TGGTGCTTAT GTGGTAAGTG GTAATGCTAT	2580
	TGAAAGAATG TTTAAATGA CTGACTTTAA CAGTGATCCA GCAGTACGTC GATTTGCTCG	2640
45	TCAAATGCGT TCGATGGGTA TTGATGATGC GCTTAGAGAA CGTGGTTGTA AAAATGGTGA	2700
	TATCGTTAGA ATTCTTGCGG GAGAATTTGA ATTCGTTGAA TAGGAGCGAA ACATGATGGA	2760
	CAATAAAGAT TATAAAAAGT TTTATTTAAT TAGAGAAGAT GTCTTGCCCTG AATCCGTGGT	2820
50	TAAACATTG AAGATTAAAG ATGCCTTAAA AAGTGATCCG ACATTGTCCA TTTATGATGC	2880
	CGTTAAACAG TTTGATCTAT CTAGAAGTGC TTTTATAAAA TATAGAGAAA CGATATTTCC	2940

55

	TGTTGGTATG TTGGCACGTG TACTAGATGT TATATCAAAG TTAGAACTAT CTGTATTAAC	3060
	GATTCATCAA AGTATTCCAA TGGAAGAAAA AGCAACAATA ACATTATCAC TGAATGCTAA	3120
5	ATCTAAAGAA ACTTCAGTAG AAGATGTTAT TGGCGCTTTG AGAAATTTAG ATTATGTATC	3180
	AAAAGTAGAA TTAATTAGTA TGAGTATGTA AGGATGTGCC TATAATGTAC GCGTATGTCA	3240
10	AAGGTAAGTT AACACATTTA TATCCTACAC ACGTAGTTGT TGAAACTGCT GGTGTTGGTT	3300
	ATGAAATTC AACCACAAAT TCTTATCGTT TTCAAAGCA TCTAGATCAT GAAGTTTTAA	3360
	TTCATACATC TTTAATTGTT CGTGAAGATG CACAATTATT GTATGGATTT AGTAGTGAAG	3420
15	AAGAGAAAGA TATGTTCTTG AGTTTAATTA AAGTTACTGG TATTGGTCCG AAATCAGCTT	3480
	TAGCTATTTT AGCGACAAGT ACGCCTAATG AAGTAAACG TGCCATTGAA AATGAAAATG	3540
	ATACGTATTT AACTAAATTC CCAGGAATTG GTAAGAAAAC GGCAAGACAG ATTGTCTTAG	3600
20	ATTTAAAAGG TAAAGTGAAA ATTACTGAAG AAGATAGCGA TTCATTATTA CAAGTAGACG	3660
	CTACTTCGAC GGTGCAAGAT CAATTCGTGC AAGAAGCAAT GTTAGCGTTA GAAGCATTAG	3720
	GTTATTCTAA ACGAGAGCTT GCAAAAGTTG AGAAAACGTT AAATAAAAAT AAATATGACT	3780
25	CAGTTGATGA AGCTGTTAAG GCAGGTCTTC AATTAGTTGT ATCTTAATTT TAAATAGATT	3840
	AATAGGGGAA GTGTTGTCAT GAATGAGCGT ATGGTTGATC AATCAATGCA TAGTGAAGAA	3900
	ACTGATTTTG AATTGTCGCT TAGACCTACG AGATTACGAC AATATATTGG TCAAAATTCA	3960
30	ATAAAAAGTA ATTTAGAAGT ATTTATTAAA GCGGCTAAAC TTCGTCATGA ACCATTAGAT	4020
	CATGTATTGC TTTTGGCCCC CCCTGGATTA GGTAAGACAA CATTATCTAA TATCATTGCC	4080
35	AATGAAATGG AAGTTAATAT ACGTACAGTA TCAGGGCCTT CATTAGAAAG ACCTGGTGAT	4140
	TTGGCTGCAA TTTTATCAGG ACTTCAACCT GGAGATGTTT TGTTTATTGA TGAAATACAC	4200
	AGACTGAGTA GTGTTGTTGA AGAAGTGTTA TACCCTGCAA TGGAAGATTT CTTTTTAGAT	4260
40	ATTATCATTG GTAAAGGCGA TGAGGCTAGA AGTATCCGTA TCGACTTACC TCCATTCACT	4320
	TTGGTAGGTG CAACAACGCG AGCTGGCAGC TTAACAGGTC CACTAAGGGA TCGATTTGGT	4380
	GTGCACTTAA GATTAGAATA TTATAACGAA TCAGATTTAA AAGAAATCAT TATTAGAACA	4440
45	GCTGAGGTTT TAGGCACAGG TATTGATGAA GAAAGTGCCA TTGAACTTGC TAAACGTTCT	4500
	AGAGGGACTC CAAGAGTAGC AAATCGACTA TTGAAGCGGG TAAGAGACTT CCAGCAAGTG	4560
	AATGAAGATG AACAAATATA CATTGAAACA ACGAAGCACG CATTAGGTTT ACTTCAAGTT	4620
50	GATCAACACG GACTAGATTA CATTGATCAT AAAATGATGA ACTGTATTAT TAAGCAGTAT	4680
	AATGGCGGAC CTGTTGGTTT AGATACGATT GCCGTAACAA TTGGTGAAGA ACGTATTACA	4740

55

EP 0 786 519 A2

	GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA	4860
	TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC	4920
5	TTTAAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA	4980
	ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA	5040
10	CGATACGCGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAGT	5100
	TGAAATGTTA ATGTTAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC	5160
	TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG	5220
15	CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA	5280
	AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA	5340
	TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTTCCAGCG CAGCACCAAC	5400
20	AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAATT AAAAATAAAG GTGTTAATAT	5460
	CGCATTTGTT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT	5520
	GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT	5580
25	AAATGATACT AAGcCAAAG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACCTC AACACGTACA	5640
	CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA	5700
	TTTATTTATC CAGGATTTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA	5760
30	CCAAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTTCCTGAAT	5820
	GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA	5880
	ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTTTGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA	5940
35	AACTTGTAAG CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGCAC ACACCACACG GTTCATTGTA	6000
	AACACCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA	6060
40	GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTTACAACC	6120
	CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGGTCC	6180
	GATTCTTACA GATTACGGCG GTTCCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTTAC GTAAAATTAC	6240
45	AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCCTGA	6300
	GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG	6360
	TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG	6420
50	GGCGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT	6480
	ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA	6540

55

AATGGTTGAA CATACAGAGC AGTTTATGCC TAAAGATAAA CCAAGATATT TAATGGGTGT 6660
 AGGATCTCCa GATGCGTTAA TCGAATGTAG TATTCGCGGC ATGGATATGT TTGATTGTGT 6720
 5 CTTACCGACA CGTATTGCCA GAAATGGTAC TTGTATGACA TCGCAAGGTC GTTTAGITAT 6780
 TAAAAATGCA AAATTTGCAG ATGATTTAAG ACCGTTAGAT GAGAATTGTG ACTGTTATAC 6840
 ATGTCAAAAC TATTCAAGAG CGTATATACG TCATTTAATC AAGGCAGAGG AAAC TTTTGG 6900
 10 TATTCGTCTT ACTACTATTC ATAATTTACA TTTTCTGCTA AAATTAATGG AAGATATAAG 6960
 ACAAGCCATT CGAGAAGATC GTCTTTTAGA TTTCAAAGAA GAATTCTTCG AGCAATATGG 7020
 15 ATTAAATGTT GAGAACCCAA AAAACTTTTA AGCAAGAGGA GCGTATAAAA TGCAATTTTC 7080
 ATTACTAATA TATATAGTCG TAATTTTTGC GGTATGTAT TTCTTGATGA TCAGACCACA 7140
 ACAAAAAC TGCGAAACA 7159

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 303:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 25 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 303:

30 TCCATTTATA GAAATTTCTA AAGCAGAnAA TAAGATAGAA GATATCGGCC AAGGTGCAGA 60
 AATCATCAAA AGAACACAAG ACATTACTAG CAAACGATTA GCTATAACTC AAAACATTCA 120
 35 ATTTGATTTT GTAAAAGATA AAAAATATAA CAAAGATGCC CTAGTTGTTA AGATGCAAGG 180
 CTTCATTAGC TCTAGAAaCAA CATATTCAGA CTAAAAAAA TATCCATATA TTAAGAAT 240
 GATATGGCCA TTTCAATATA ATATCAGTTT GAraACGAAA GACTCTAATG TTGATTTAAT 300
 40 TAATTATCTT CCTAAAAATA raATTGATTC AGCAGATGTT AGTCAGAAAT TAGGCTATAA 360
 TATCGGCGGA AACTTCCAAT CAGCGCCATC AATCGGAGGC AGTGGCTCAT TCAACTACTC 420
 TAAAACAATT AGTTATAATC AAAAAAACTA TGTTACTGAA GTAGAAAGTC AGAACTCTAA 480
 45 AGGTGTTAAA TGGGGAGTGA AAGCAAATTC ATTCGTTACA CCGAATGGTC AAGTATCTGC 540
 ATATGATCAA TACTTATTTG CACAAGACCC AACTGGTCCA GCAGCACGAG ACTATTTTCGT 600
 50 CCCAGATAAT CAACTACCTC CTTTAATTCA AAGTGGCTTT AATCCATCAT TTATTACAAC 660
 ATTGTCACAC GAAAGAGGTA AAGGTGATAA AAGCGAGTTT GAAATcACTT ACGGCAGAAA 720
 CATGGATGCT ACATATGCTT ACGTGACAAG ACATCGTTTA GCCGTTGATA GAAAACATGA 780

55

	AAAAATTAAA AGCATCACAC CTAAGTAAAC AGTTG _a ATCA TCTTAAAAAA TCCTGGGACA	900
	CTTCATACTT GTCTCAGGAT TTTT _m ACAA ATTGAATCAG CCTCATAACA TTAAATTATT	960
5	TTATCGTACA TTAAATT _T TA TAATAACAAC TGATTTT _T TAT AAGAATAAAG TATCGA _m CCA	1020
	TAGTAGATAC ACAAATAATA CAAATGAAAC AATT _T AACTT GAAAGCTT _a ATAAATATTA	1080
	TCAAGTTAAT AAACAATTAA TTTT _T TAGATG GATTCATCAA AAATCGTAAA AAAGCACAAT	1140
10	TTGTATTTTA CAAACATTAA TTAAAAAAGA AAGCAAGACA TTCGTGCAAT CGGTTACCTT	1200
	AAATTGTTTA CAACTGTCAA CAATACCAAG GTTTTATTAA CTATATTTCT CACAAAATTA	1260
15	GCTTTTAGCA TTCCAAACAA AAAAGGT _T TAA ATCGAACGGA ATTATGGCAT TTT _T AACTTA	1320
	ATTGTAAAAA AAGTTGATAA TGGTCAATTG TTAATGAACA GTTAATTATA ATAACGCCCC	1380
	AAATATATTA TTATT _T TAATT AAGTTAAATA AAATTATAGA AAGAAAGTGA AACTTATGCT	1440
20	TAAAAATAAA ATATTAACTA CAACTTTATC TGTGAGCTTA CTTGCCCCCTC TTGCCAATCC	1500
	GTTATTAGAA AATG _c tAAAG CTGCTAACGA TACTGAAGAC ATCGGTAAAG GAAGCGATAT	1560
	AGAAATTATC AAAAGGACAG AAGATAAAAC AAGTAATAAA TGGGGCGTGA CTCAAAATAT	1620
25	TCAATTTGAT TTTGTAAAGG ATAAAAAATA TAACAAAGAT GCTTTGATAT TAAAGATGCA	1680
	AGGATTCATT AGCTCTAGAA CAACATATTA CAACTATAAA AAAACTAATC ATGTTAAAGC	1740
30	TATGCGATGG CCATTCCAAT aT _a ATATTGG TTTAAAAACA AATGATAAAT ATGTTTCTTT	1800
	AATTAATTAT TTACCTAAAA ATAAAATTGA ATCTACAAAC GTGAGTCAGA CATTAGGATA	1860
	CAATATCGGT GGTAATTTCC AATCAGCCCC ATCACTCGGT GGTAATGGAT CATT _T AACTA	1920
35	TTCTAAATCG ATTAGCTATA CACAACAAAA TTATGTAAGT GAAGTAGAAC AACAAA _A CTC	1980
	AAAAAGTGTT TTATGGGGCG TCAAAGCGAA TTCATTCGCC ACTGAATCAG GTCAAAAATC	2040
	AGC _C TTTGAT AGCGATTTAT TTGTAGGCTA CAAACCTCAT AGTAAAGATC CTAGAGATTA	2100
40	TTTCGTTCCA GACAGTGAGT TACCACCTCT TGTACAAAGT GGATTTAACC CTTCATTTAT	2160
	CGCCACAGTA TCTCATGAAA AAGGTTCAAG CGATACAAGC GAATTGAAA TTACTTACGG	2220
	AAGAAACATG GATGTCACTC ATGCCATTAA AAGATCAACG CATTATGGCA ACAGTTATTT	2280
45	AGACGGACAT AGAGTCCATA ATGCATTTGT AAATAGAAAC TATACTGTGA AATACGAGGT	2340
	CAATTGGAAG ACTCATGAAA TCAAGGTGAA AGGACAGAAT TGATATGAAA ATGAATAAAT	2400
50	TAGTCAAATC ATCCGTTGCT ACATCTATGG CATTATTATT ACTTTCTGGT ACTGCTAATG	2460
	CTGAAGGTAA AATAACACCA GTCAGCGTAA AAAAAGTCGA TGACAAAGTT ACTTTATACA	2520
	AAACAACAGC CACAGCAGAT TCTGATAAAT TTAAATTTTC ACAGATTTTA ACATT _T TAATT	2580
55		

ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGAG 2700
 CTAAATACAA TGTATCTATA AGCTCACAAT CTAATGATTC AGTAAACGTC GTTGATTATG 2760
 5 CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTTGGTG 2820
 GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTtTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTTCTG 2880
 AAACAATTAA TTATAAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA 2940
 10 AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG 3000
 GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA 3060
 15 GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA 3120
 ACTTCAATCC AGAATTTTTTA AGCGTACTAT CACACAGAC 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

GCAAAAACTT TTCTCCAAC TATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAAATT GATATGATGA 60
 30 ATCAAATTAA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTTTA TTTGCATTAT 120
 TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTTGTTCAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG 180
 35 ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAAGCT TTTTAGCAAA AGTTCAACAT 240
 ATTGACTTAT CCGGCATTTT AGATTAAAA ATTTTTATTTC CGATTAGAAT AATAAGAATA 300
 AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTCGTT TTCATATTGG 360
 40 CTGCATGCGG AAACAATTCT TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA 420
 ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAAATTAA 480
 CTGTTACGA TATTGATGTT ATTAAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AACTTAAAT 540
 45 TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTAGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA 600
 TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT 660
 50 ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG 720
 ATGATGTTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA 780
 AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTATTAT 840

	AAAAACCTAA TGcTAAGATC AAAGCAATCA AAGGTAATGC TGAACAAAGT AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC TAAAAAAGCA GATGATGAAA CAGTTCAAAA ATTCAATGAT GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA AACCGGTGAA TTAGCTAAAA TAGGTAAGAA ATGGTTTGGT CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA ATAGCGAACA ACAACATGCG CTAGATGCTG CAAAACAAGC TTTCGGACCT	1140
10	ATGCTAGAAG GTTTGGTCAA ATATTCAATT CCTATTACAT TAGTTACATT TGTTTTAGGA	1200
	TTGATTATTG CATTATTTAC AGCATTAAATG CGAATTTCAA CGAGTAAAAT TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACGTG TCTATGTATC TATTATTCTGA GGAACACCAA TGATAGTACA ACTATTTATC	1320
15	ATATTTTATG GTATTCCAGA ATTAGGTAGA TTATTAACAA ATGACGCTGA CAACCAATGG	1380
	ACATTGGCAC CTGTAGTGGC TGCTATTATT GGTTTATCAT TAAATGTAGG TGCCTATGCT	1440
	TCGGAAATTA TTCGTGGCGG TATTATTTCT ATACCGAAAG GACAAACAGA AGCTGCaTAT	1500
20	TcCaTCGGTA TGACGTATGG TCAAACGATA CAACGTATCA TTTTACCGCA GGCAATTCTGA	1560
	GTGTCGATTC CTGCACTAGG TAATACATTT TTAAGTTTAA TCAAAGATAC ATCATTATTA	1620
	GGATTTATTT TAGTGGCTGA AATGTTTAGA AAAGCTCAAG AAGTTGCGTC TACAACATAT	1680
25	GAATATTTAA CAATTTATGT GTTAGTTGCG CTAATGTACT GGGTGGTATG CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC AAGGTATCTA TGAATCTTAT ATTGAAAGAG GGTATCGCTC ATGATTCAAT	1800
30	TGAACAATAT CCATAAATCA TTTAATGATG TTGAAGTCAT CAAAGGTATT GATTTATCTG	1860
	TTGAACAAGG TGAGGTTGTA ACCTTAATCG GTCGATCTGG TTCAGGTAAA ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT TAATGCATTA GAAATTCCAA CTGAAGGTAC AGTTTATGTT AACGGCAAAA	1980
35	CATATACATC TAAAGATAAA AAATCACAAA TAGAAGTTCTG TAAACAGTCT GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA TAACCTTTTT CCGCATAAGA CGGCATTAGA AAATGTAATG GAAGGTCTTA	2100
	TCAcAGTTAA AAAGTTGAAA AAGGATGAGG CACGTGGGAA ATCACTTGAG TTA CTTGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT AACACATGTC AAAGATCAAC GTCCACATGC ATTATCAGGT GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC TATTGTCAAG AGCACTAGCA ATGAACCCTA AAGTGATGTT GTTTGATGAA	2280
	CCAACATCTG CACTTGATCC TGAAC TTGTG AATGATGTTT TAAAGGTTAT TAAAGATTTG	2340
45	GCTAATGAAG GCATGACAAT GGTCA TTGTG ACACATGAAA TGCGTTTTGC TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA TTGTATTTAT TcmTGAAGGC ATGATCGGAG AACAAGGGGC TCCAGAAGAG	2460
50	ATGTTCAATC GTCCGAAAAC AGAAGAATTA AGACGTTTCT TAAATGTTAT AAATGAAGAA	2520
	TAATCAAATA GAACCACGTA TCATGTTTTA GTATGCGGAT GAAGCCATAT ACATGATGCG	2580
	TGGTTCTTTG TTATGTTGTC ATAATCTTGG AGCGATATTT TAACGACGTT TATGATTTAA	2640
55		

TTCTACATGT GCGTTAAAAC CTTTTTTGAA TTGTTGGACG CCATAGTCTT CTGATGACTC 2760
 TGAAGAGTCA CCGGTAATAC CATAAAAATT ATAGCGATCA ATATGATGCG CTTTAGCAAA 2820
 5 CTTAATCATT TCCCactGCA AATGGTAGGC ACCCATATAA GCATTATATT TAGGGTTTGA 2880
 ACCACTAGAT AAGTAATAAA CTTCATGCTC ATTGTAGATA AATAAAGCAG AAGCTAAGTT 2940
 10 TAAGACTGCA CCATCTTGTT CAATTTGTTT TATTGTATTG TCGATTTTAC GCTTATTGCT 3000
 ATTTAGCTGT TGTCTAGCT GTGTGCGTTT CGTTTATTTT TTCTTTGAAT TAGGACTTTC 3060
 TTCCAATGCT TCTCAACAC CTGAGAGTTC AGCTGTTAAT TGTGTTGCT TTAATTGTAA 3120
 15 CGTTTTTAAA TACTCGTTTA AATCAATATA CGCCAACTTT AACATGGCGT GGTCATCGTA 3180
 TAACCTTTGC ATTTCTTCAA AGTATGGTAA CTCACGGAAT TTGAAACCGT GCTTTTCCTC 3240
 AGCCATATGG AATAAGTCGA AAAAAGTTTG CGTTTCATCA ATCGTTAAcG TTTTaGTTTT 3300
 20 GACACCAAtA TCaTATGTtT tTtTAATATT ACGTCTCGtT TGATAATCCA TTTCTTTTAA 3360
 AAGTTGGTCT TCAGTCTTAT CTTTTAAATC TAACACTGAC AGCCAACGGA TTTGGCTCAT 3420
 TGAATCATAA CCTACAGGGA AACCTTGGTG TTTATAACCT AATTATCCA TTGTTCTaAC 3480
 25 AAATGCTCGG TTATCATAAG ATTTAACAAT TTCACCGTCT GCATTGCGTA AATTTTCAAT 3540
 TAAATATGGA TCTACAAGGA CATATAACA ATTGTGTTTC TTTAAATATG ACGTTAATGC 3600
 30 TTTAAAGAAA AATGCTACTA ATGATTGATT TGTATAATCC ATCACTGGCC CGCGATGTGT 3660
 ATAAAAATAT TTGAAAAATT TAAGTGTGCG TGCTTCTGTC AATAAGCATC CTGCAATCAC 3720
 TTGACCATTG TCATCTTTAA CCCCTACrAG ATGCACATCG CCTTTTAAAT CAACTCTATG 3780
 35 ATTGTAATGA ATAGCTGATT GTGTGTAATG TGA AAAATGC T 3821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1422 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

GCGACACCAT TGTTCGAGC AACTGTTAAT TTACCAGTTG ATGGTTTCGA CGGTGTTGTT 60
 50 GGTTCGATG GTGTAGTAGG GGTAGTTGTA GATTGCGTAC CCCATGGCGC CACTTTACCC 120
 ATTTTATTA AATATTTTTC ATTAATTAAG TCATATAATT GATCATAACT ATAATTATGA 180
 CTTCTTAAAT ATCCATGTGG ATcGGCATGG TCAGTACCAC CTAAATATTT ACTTACAGCG 240

TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA 360
 TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTTACCGAC TGCACCGACA 420
 5 CCCCCAAGATA AGTAATCCGT TGGTGCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA 480
 TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTTC ATATAACTAA TTTCACCATT TATCGTCGAA 540
 CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT 600
 10 GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCTTCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT 660
 TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT 720
 TTTGGTGTTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT 780
 15 GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TGCGGTTTTA 840
 TATTGCGTyT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTTAA TTAATTCTGG ATTAATTTGA 900
 20 TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AAATAATAAC CAGCATTTGT AACATTAGTG 960
 TTAGTTTTAG GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC 1020
 GCTGATTGAT TAGCACGAGT GTCACCATT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TTGACTTACT 1080
 25 TGAGCATTGC CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT 1140
 ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTCAAGTA 1200
 GTTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTCGTC 1260
 30 TCAGCTGCTT GAACCTGATG TGCAGTGA CTGTAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT 1320
 GAgGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTCGCCA TTCTATTTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAT 1380
 TATtACTAAC ATTATAGTAC CTGtTTTATA TACCTGTGCG TA 1422
 35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6076 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

ACGCGTTGGT TATTTCAATC ATAATATTAC TCTGCAAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA 60
 AATGGATAGA GATTTGAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG 120
 50 CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAAAGT AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG 180
 GCTTTAGTAA AGGGTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTTAAG AGCTTTAAAT 240
 55

EP 0 786 519 A2

	GTAGATAATC GAATTATTCC TAAAAATATA ACTCAAACA CAATCTTCAA ATTGAGTAAT	360
	TTAACCTTAG AGGTTAACCT CTATGAAAGA AACACAATTT ATCACGGAGA CTTTGCTATT	420
5	TACTATCCTG TAGAATCTGC TCTAATAATA GAAACAGATA CTCCTAGGCT AATTAATCAT	480
	ATAAATAACA ACCCAGTCCA AAAAATATTT ATAATAACAA CAAATGACTG GAGCTTTAAT	540
10	ACACTTGaAT TAGAAAAAT AGTAGACGAA ACTATAATTT ATGATTTAAA ACAAGAAGAT	600
	CCTAAACAAT ATGAAATTTT ATATAAAAAAT AAACACGGAA AATTGCCTTA TTGATGAATT	660
	AAAACGCAAA CTTAGAACAC CTTACCCCTT TTCCGTCCTT ATTGTAATTT TCCAACTACT	720
15	CAAATTAAAA ACCACCCGTG CAAACAGGTG GTTTTATTAT ATATAATTAT TCCCACTCAA	780
	TTGTGCTTGG TGGTTTTGAT GTAATGTCAT AGACTACGCG GTTGACGTGA TCTACTTCGT	840
	TTACGATACG ACTAGAAATC TTTTGTAAGA CTTCCCAATC GATGCGTGCG AAGTCACTTG	900
20	TCATACCGTC GATAGATGTT ACTGCACGAA TACCTACTGT GTGATCATAC GTACGGTAGT	960
	CTCCCATAAC ACCTACTGAT TGAATGTTTG GTAACACTGT GAAGTATTGC CAAATTTCTC	1020
	TTTCAAGACC TTCTTCTCTA ATCACTTGGC GTAAAATCGC GTCTGATTCT CTAACGATTT	1080
25	CTAGTTTATC TTCAGTAATT TCTCCAAGTA CACGAATACC AAGACCAGGT CCTGGGAATG	1140
	GTTGTCTCCA TACTAAATGT TCTGGAATAC CTAACCTCAAT ACCTAATTTA CGTACTTCAT	1200
30	CTTTAAACAA TGTATTGATT GGTTCGATTA ATTCGAATTC CATGTCTTCT GGTAATCCAC	1260
	CAACATTGTG GTGTGATTTG ATTGTTTGTG CTGTTTTAGT ACCTGATTCTG ATGACGTCTG	1320
	TATATAGTGT TCCTTGCGCA AGGAAGTCTA CACCTTTCAG TTTTGATGCT TCATCATCAA	1380
35	ATACGTATAC AAATTCATTA CCAATGATTT TACGTTTTTG TTCAGGATCT GAAACACCTT	1440
	TTAATTTATT CATAAAGCGA TCTTTCGCAT TAACACGAAT AATATTTCATG TTGAAACCTT	1500
	CACCGAATTG CTCCATAACC ATGTGCGCTT CACCTTTACG AAGtAAGCCA TGGTCTACAA	1560
40	AGATACATGT TAGTTGATCA CCTATTGCTT TATGCAATAG TACAGCTACA ACAGATGAAT	1620
	CTACGCCGCC ACTCATCGCA CATAATACAC GACGGTCTCC TACGCGTTGA CGAATCTTTT	1680
	CAATTTGAT TTCGATAAAG TTTTCCATTG TCCATTGACC TCTACAATCA CAAACACGAC	1740
45	GGACAAAATT ATTTAATAAA TCATTACCAT ATTCTGTATG ACGTACTTCT GGATGGAATT	1800
	GAACACCATA AATGCGACGT TTCTTATCTT CGATTGCTGC ATAGTCTGTG CTTGGGCTAT	1860
50	CAGCGATAAC TTCAAAGCCT TCTGGAATTT CAATAACTTT ATCAGAATGA CTCATCCAAA	1920
	CAGTTTGTTT TGCTGGTAAG CCAGCGAATA ACTCATCTGA CTTGCGATTA ATGATTGCTT	1980
55	TACCGTATTC ACGTTCATTG GCACGTTCAA CTTTACCACC TAATAATTTA GTAGTTAATT	2040

	TAAATGAACC TTCTTCATAA ACTGAATTTG GACCACCTGA TAAGATAATA CCTTTTGGAT	2160
	TCATTTTCTT AATTTCTTCA ATTGAAATTT CATGATCGTG TAATTCACCTA TAAACGCCCCA	2220
5	TTTCACGAAT TCGGCGTGTA ATTAATTGGT TGTATTGGCT ACCAAAGTCT AAGACAAGGA	2280
	TTAACTCTTG TTCTTTTGCC ATTTCCATAT TTGTCGTTCT CCTTTATCTT AATTAGAATG	2340
10	AGTAGTTCGG TGATTCTTTC GTAATTTGAA TATTATGTGG ATGGCTTTCT GCTAAACCAG	2400
	CAGGACCCAT ACGTGTAAT TGTGCTTCTT CGCGTAATTC TCTTAAATCG TGTGAACCAG	2460
	TATAACCCAT ACCAGCACGC ACACCGCCCCA TTAATTGGTA AATTGTATCT TGTAACGCAC	2520
15	CTTTATAAGC CGTACGTCCT TCGATACCTT CAGGAACAAA TTTCTTAGGC GCTTTGTCCT	2580
	CTTGGAAGTA ACGGTCGTTT GAACCTTTTT CCATCGCACC TAAAGAGCCC ATACCACGGT	2640
	ATACTTTATA TTGTCTACCT TGGAAAATTT CTGTTGCGCC TGGGCTTTCT TCAGTACCTG	2700
20	CTAATAAGCT ACCTAACATA ACCGCATGTC CACCAGCAGC TAATGCTTTA ATGATATCTC	2760
	CTGAGAATTT AATACCACCA TCAGCAATGA TAGCTTTACC ATGTTTGCGT GCTTCAGTtG	2820
	CACAATCATA AATTGCTGTA ATTTGTGGTA CACCAACACC TGCTACAACA CGCGTCGTAC	2880
25	AAATTGAACC TGGGCCAATA CCAACTTTAA CAATATCTGC ACCCGCTTCA AATAAATCTT	2940
	TTGTTGCTTC TGCAGTTGCT ACGTTACCTG CTACTAATGT GATTTCTGGG TAAGTCTTCT	3000
	TAATATGTTT CACTTGATCG ATAACACCTT TAGAGTGACC ATGTGCTGTA TCGATAACTA	3060
30	AGACATCCAC ACCTGCTTCG ACTAATTTTT GAGCAGCAAT ATCAGTATCT TTTGAAATAC	3120
	CAATTGCTGC GGCTACAAGT AGACGACCAT GTTCATCTTT TGCTGCATTA GGAATTTCGA	3180
35	TAACTTTTTC AATATCTTTA ATAGTAATAA GACCTTCTAG ACGTCCGTCT TTAACTAATG	3240
	GTAACTTTTC AATCTTATGT TTTTGGAGAA TTTTCTCTGC TTCTTCAAGT GTTGTATTCA	3300
	CTGGAGCTGT AATTAAATt TCTTGCCTCA TTACATCTAC AATTTTAATC GAGAAGTCTT	3360
40	CAATAAAACG TAAGTCACGG TTTGTTAAAA TACCTACTAA GTTGCGATCT TCTTTATTAT	3420
	CAACAATTGG TACACCTGAA ATACGGTATT TACCCATTAA TGCTTCTGCT TCATAAACGC	3480
	TTTCTTCTGG CGTTAAGAAA AATGGGTTTG AAATGACACC ATTTTCTGAG CGTTTTACTT	3540
45	TTTGAAC TTCGCTTGT TCTTCAACGC CCATATTTTT ATGAATAACA CCTAAACCAC	3600
	CTTGACGAGC CATAGCAATC GCCATTTTAG ATTCAGTTAC AGTATCCATA CCAGCAGAAA	3660
	TAACGGGAAT ATTTAATTTA ACTTTGTCTG ATAATTGTAC GCTTAAATCA ACGTCTTTCTG	3720
50	GTAAATATC AGATTGTGCT GGAATTAATA ACACATCATC AAACGTTAAT GATTCTTTTG	3780
	CAAATTTACT TTCCACATT AAAAACAGCC TCCATTTTTC AAATTAATTA GTTATATTAT	3840

55

EP 0 786 519 A2

	GCAGAGATTG CGCCTAAAAC AATTCCGTTT TGAGTCAACC ATGCAAATTG TTCACCTAAA	3960
	CCTTTAAATG CTTGTGGTAC AGCGCTTATA CCAGTACCTA AtCCTACTGA TACAGCGATA	4020
5	ATTAATAAAT TGTTTTGATT TTAAAAATCG ATATGTCCTA ATATACTAAC ACCATATGCC	4080
	ATTACCATGC CAAACATAGC TATCATCGCA CCGCCTAACA CAGGTAGCGG TATGATATTT	4140
10	GCTAATGCGC CAAGCTTAGG TATACAACCA CATATAAGTA ATAACACGAC CATGCCGTAT	4200
	ATAACATTGT TTTTCTTAGC GCCGGATAAA GAAACAAGTC CTACATTTTG CGAATAGGCT	4260
	GTATACGGAA ATGAATTGAA TATAGAACCT AAcACTATCG CTAGACCTTC CGCAGTATAA	4320
15	CCTTTACGAA AATCTTTTCT TTCTAACTTC TTACCGGTAA TTTCACTTAA CGCATGATAG	4380
	ACACCTGTGC ACTCAATTAA ACTAACGATA GCTACAATAA AGAACACTAA CGTCGATGTC	4440
	ACATCAAAGC TAAATCCAGA GAATCTAAAC GGCCTGCGG TGCCTAACCA ACCGGCATGA	4500
20	TTGACTTGAT TAATATCGAC CATCCCAAGT AAGCCAGCAC CTATCGTTCC TAAAACGAGT	4560
	CCAATTAATA TGGCAATACT CTTAATAAAT CCAGTTGTGA ATCTTTGTAA AAGAAGAATA	4620
	ATGATTAATG TCATTAAACC TAACAAAATG TTCTTAACAT CTCCATAGTC CTTTGCACCT	4680
25	TGACCTCCAG CTAAGTAATT CATTGCTACT GGCATTAAAT TGATACCAAT GATAGTAACA	4740
	ACACTACCCG TTACTIONTGG TGGGAAGAAT TTTACAAGAT GTGAAAAGAA AGGCGCGATG	4800
30	ATAATAACTA ATATCCCTGA TAAAAATAGC GAACCATAAA GTACATCTAT TCCTTTCGTT	4860
	TGACCAATTA AAATCATGGG CGCAACAGCC GTGAATGTAC ATCCAAGAAC GATTGGTAAT	4920
	CCTGTTCCCTG TTACTIONTATT GGCTTGTAAG AATGTGGCAA CCCCACACAT AAATATATCT	4980
35	ACTGTAACTA AGTAAGCGAT TTGTTTCAAGT GTAAACTTCA AACTTGTACC AACAATGATT	5040
	GGAACATAAG TAGCACCTGC GTACATAGCT AAAAGATGTT GAACACTTAG GATTAAATTT	5100
	TTCATTATTG TTCTCCACCC AATGTCACCT TGTTTCCTTC TAGTGAAGCA ACCTTGCAGA	5160
40	GAGAAGAAAC TGTTAAACCT GCTTCTTCTA AACGTTGATG CCCATTTTGG AAACCTCTTT	5220
	CAACAACAAT ACCAATACCA GCTGTCTTAG CATTGCTTG CTGTGCGATA TCGTATAATC	5280
	CTAATGAAGC ATCACCATTT GCTAAAAAGT CATCGATGAT AAGTACAGTA TCTTCTTCTG	5340
45	ATAAAAACTC TTTTGAAACA ATGACCGTAC TTGTTTTATT TTTAGTAAAT GAATGAATAG	5400
	ATGTTTCATA ATAACCATCC GTCAAAGTGC TAGGTTTTGC TTTTTTCGCA AATAAACATG	5460
50	GCACATCAAA ATGCAGTGCA GCCATGATTG CAGGTGCGAT ACCGGAAGCT TCAATGGTTA	5520
	AGATTTTAGT AATCCCTTTA TCTTTAAATT GCTCGTAAAA AGTGCGACCA ACTTCATTCA	5580
	TTAACTTTGC ATCAATTGTA TGATTTAAAA ATCCATCGAC TTTTAAATC TTCTCATCAA	5640

55

ATTTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAAACTAA 5760
 ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACGa ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA 5820
 5 TGFAAAAGAA GTTTCATCAA ATAAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA 5880
 CCATGGTTAC AATTTAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTTGTTAC TCATAGTCAT 5940
 10 GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT 6000
 ATGTAAATTA TTTAACGATA ATAGCAAATT TTCGGCATT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA 6060
 ATCTTTTAAT AGTTTT 6076

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6136 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 307:

25 ACCGCCGATT GATAGCTTTA CTGCTGCGAT AAAACTGCCT TCAACAATTG GTGCATCAAC 60
 TTTTAACACA CGATGATTAC CATCATACAT TTCAATTGCC ATATCTACAT TCATTTCTGA 120
 AGATCCAATA TCGTAAAAAC ACAATGCATC ATCCTCTAAT TTAGTCAAAA CTTCTTGAT 180
 30 GATATCAAAT GAAGTTCCAA TTGAACCATC TGGTAATCCC CCGATTGGTA TAATATCAAC 240
 GTCACCTGCC ATTTGCTTTA ACAAAGATTT TGTACCACTT GcAATTTCTT TACTGTGGCT 300
 35 AACAAGTATA ATTTTAGGCA TTATCTTCAT CTCCAATCAA AGCGTTTAAA ATATAAACCA 360
 TACTTTGAGC ACCTGGATCA ATATAACCTT TTGATTCTTC TCCAAAATAT GCAGCTCTAC 420
 CTTTCGTTGC TACCATATCT TTTGTATTAT CTGCTAATTG CTGTAAATCA TTGAATGTTA 480
 40 AAGTTTCACC ATTTTAAAGC TTCTCTGCTG CTCGCGCTAC TACATCATAC ATTGTCTTTT 540
 CATTTAAAGT AACTTTACCA CGTGATTCAA CCGCTTCGGC AAATGCCTGA ATTAGTGTA 600
 TGAAATCTTG ATTATCCATA TCATCTTTGG TGAATGCAGA CATTTTAAAC AAGCTAAAGC 660
 45 CATAAGTGG TCCTGATGCA CCCCCAACAT TTGACATCAA TGCCATACCA GTTGATTGTA 720
 ACAATGATTG CATTGAGCTA TCATCAAGTT TGTCTTTAAG ACTACTAAAC CCACGAACCA 780
 TGTTAACCCC GTGGTCACCA TCACCAATTG CTCGATCTAA TTCAGTTAAT TCAGATTCAT 840
 50 GTTTTTTAAA CGTTTCTTCT AAATTTAATA AACGTGCTTT CATATCATTC ACTTTCATTT 900
 GTGCCACCTC ATAAATGTAT ATTTATTCAT ATTCACCTCT TATTTAAAGT ATTGACTTGT 960

	ACCTTGCATG TCTAAAGATG TCATATAATC ACCAACAAAC CATTTAGCAA CATTAAACCGT	1080
	TCTTGCAGCT AAATTTTGTG GAATATATTT AGTTACGATA TTTAATTCAG ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA CCATTTACCA TTAATATGAC ATCATTGGCA GTAACCTCTT TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAT GTTCCAACAA TATGATCAAT ATCCTTTACT TCTTCCCTAT GAATACCTTT	1260
10	TTCACCATGT ATACCAATAC CGATTTCCAT TTTGTCGTCT TCAATATCAA AGCCATATTT	1320
	TCCAGTAGTT GGAACAAGCG GTGGCTCAAT TGCCATACCA ATACTTTTAA TTTCAGGTAA	1380
	CAACGCTTCT ACACGCGATT TTATCTCTGT TAATGAATAA CCTTTTTCAG CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA TGAACAAACA CTGTTCTGTC AACACCACGA CGTTGTACTT CGTTTGTAC	1500
	AGCAATGTCG TCACGAACAA TAACAGTTTG AACATTTATA CCTTCCATTT CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT TCGAAATTCA TCACGTCACC TGCATAGTTT TTTACAACCTA GTAATACACC	1620
20	ATCACCAGTA TCTACTGCTT TAATAGCTTC TAATATTTTA TCAGGTGTAG GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA CAAACCGCTG CATCTAGCAT ACCTTCTGCA ACAAACCGG CATGCGCAGG	1740
	TTCATGTCCG CTTCCACCTC CAGAGACTAT TGCTACACCA TGTTCCTTCT TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT GTATTAGCAA TCAGATCTAA CTCTGGGTGC GCAATTAACA ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT AAAAATGTTT CTTTTTTATT GATTAACCTT TTCATCATGT TGTACCTCCT	1920
30	TGGTATTATC AGTCATAGTA TAAACAGAA TAAATGAATG CGCTATCATA AAGAATTAAC	1980
	CTGATACCGT TATCAAATAT ATTTTGTGATA AGATCCTCTT GATAACTTAA TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT AAATAGTCTT GAGTGGCTCA TTAAATAAAA AATGCTATGA AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC CTTTCATAGC aATAAGTTGT GTCCATTGAC ACTATACATT TTTCGTTTGT	2160
	TACATTAAAT ATAAGAAATA CGGTGCACCA ATAATTGCTA CGACAATACC TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT GTAATACAAT TTTGCCAATT GTATCAGCTA TAACAAGTAA ACATGCCCCCT	2280
40	ACTAAAATGG CAATTGGTAA AAACAACCTGG TGACGTGGTC CAACGATACG TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA TTAATCCGAT AAACGAAATT GAACCTGCTA cTGCTACAGC AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG CGATAAAGAA TAATATTAAA CGTTCTCTGC TTAACCTTAC ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT TATCACCCGT ATGAATAATA TTTAGTGTAT TCGATTTAAA TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA TCAACACCCA CGGTAAAAAT GCAATGACAA ATGGCCATTG GTCACCCCAA	2580
50	ATATTACCTG CAAACCAAGC AGCGATGAAA TCAGATTGCT TATCATCAAA TTTTGACATA	2640
	ATTGTAATTG AGCCACCATA TAATGCTGTT TGTAACCTA CACCTATTAA TACCATACTC	2700
	GCAGGTGTAA CACCTTCATT TTTATTAAAA CTGaAAATAA AAATAATCaA TGCAGTGgTG	2760

55

	CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCACtGC GTTAATACCT AATATACCTG	2880
	G TTCAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAGCtGCG	2940
5	CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA	3000
	ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTTG AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGTATTCA	3060
10	CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT	3120
	ATCAATTGTC TCGTTTTATT ATTTGAACTA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA	3180
	AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA	3240
15	AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAG GCTGTTAATG	3300
	G TAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC	3360
	CTACAAATGC AACTTGTCCA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA	3420
20	TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTCAC	3480
	CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGTTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA	3540
	TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC	3600
25	AAAATGTTAC TGTTTGATTT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGTGTTA	3660
	ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC	3720
30	TAGATCGGCC TATCATTAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA	3780
	ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGTA AAAGTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG	3840
	AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT	3900
35	GTATAATCGC ACCAGAAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG	3960
	GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTTGCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TTAAAAATAG	4020
	CCTCTATAAT TG TAGAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG	4080
40	TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GGC GTTGGGT	4140
	TCTCTCTATT TGTCATGTTA ATTGTCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA	4200
	AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTTAG GATCTTTACT	4260
45	TAAAACAACA TCAATATTAA AAACTTTTTC TAATATTTC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT	4320
	TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT	4380
50	CGCTTGGTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTCCT GATTAGCTT	4440
	CTGAAC TAAT TCTAGTATTT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC	4500
55	TAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGTCTTTG	4560

TGCCCAATCA ATtTCTTTCT TAtCCTCAGC AgTTAATCTA CCAAATCCTT TTTGATGTGG 4680
 AAAACGACCA TATGAAACTA ATTCCCCAAC AGTTAAGCCA TCTGCTACTT CaGGTGaTTG 4740
 5 aGGTAAaTG GctATTTTTt TGcAATCyCy TTCGTAGAt GTGtATGAAT ATTTTCACcA 4800
 TCTAAAAATA CTTCGCCTTC TTAACTGCC AATAAACGTG ACAATGCCTT TAGCAAAGTA 4860
 GATTTCCCGC AGCCGTTAGG ACCAATGATT GACGTCACTT TGCCATCTGG TATTTCAACA 4920
 10 TCTAATTTAT TTATAATCGT GTTATCCCCG TAACCAATTT TAACTTGTTG TCCATGCAAA 4980
 CGATTcATAA TTTCCCTACT TTCAATAAAA TTCTTTCTGT TTATAAAAAA TAATTTCTAT 5040
 TTTTAAATTA TCAATTTTCA AAGACATCCC AATTGATAAT GATTATCATG AACATCATTa 5100
 15 TAACATTTTT CAATCTTATT GACTAACATT ACTTTTTTAA TTGGATAGCT CGATTTGTCA 5160
 TGTCTTGtAT ATTACTTTTA TAAaATAAAA AACGCCcACA GATAAGTCTT CATAGTTCAA 5220
 20 AAACttGTCC GTGGACTTCT ATTTAAGTAT GTGTGTCAT ACCATTTATT TATTCATCTG 5280
 CAAGAAAGCC ATTACCATAG ACATCTCTTA CATCATGAAT TACGAGGAAT GCATCTTTAT 5340
 CGATTTGTTT AATTAATCGC TTTGCTTTTG AAACttGTGT TTTAGAAATA ACAACGTATA 5400
 25 AGACATCTTT TTCTTCACGC GTATAATAGC CATGTCCGTT TAAaATGGTT AAACCTCTTC 5460
 CAATTTGCTC GTCTATTGCT TTGGCAAGTT TGTCGGGATT AGTTGAAATA ATCGTCATAG 5520
 CTTTTTTAGT GTTTAAACCT TCTATGACAT ATTCCATCAC TTTTGTTCCT ATATAAAGTG 5580
 30 ATATTACTGT TACTAATACT TTATCAAGTG GAATAACTGT AAGTGAAATT GCAACAACGA 5640
 TCATATCGAA GAAAAGCAAA GCATATGGCG TGCTTACATC GAGGTATTTC GTTGCAATTC 5700
 TCGCCAAaAT TGTTGTACCT GCTGTTGTAC CGCCTGCAAG GATAATTACT CCGATTCCTA 5760
 35 GTCCAACGCT TACACCACCA AAAATGGCAT TCACAATGCT GTTTCCAGTT TCTACTTGCC 5820
 ATGATTCTGT TAAACTCAAA AATATTGAAA TAAGAATTGT TACAAGAATA GTTAAGTACA 5880
 40 TACTTCTCTT ACTCAAAaT TTATAAcCTA TGGCAATCAA TACTGCGTTG ACCAAGAAGT 5940
 TAGTGATGGC TGGTGAAATA TGAAACGCAT AATATAAAAT AATTGCTAAA CCTGTAACCC 6000
 CGCCTTCACC TAAGTTACCA GAAATaATAA ATGCATTTAC ACCTGCAGCA AAGATAAATG 6060
 45 AACCTAAGAC AACTAGTATT AAATCTTTAA CCGTTTTATT CACGAAACCA TCCCCTTTAT 6120
 ATATTTATTA GACTAT 6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2576 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAs	CTACTGAAAA	GTCATCACCA	CCATGGAATG	ATTTCTTTAA	ACGTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TTGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTTA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
10	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTT	AAAATTTCGA	GCTAGAGGTG	TAATTGCAAT	TGCAGGATTT	300
15	ATTGTGTTTG	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTTGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATTGTT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGC GTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTaAAAG	TACATATAAA	TTTTAACTAG	840
30	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GtTcAACGAT	GTAAATAAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTAAA	AGTTTTTAAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAAtCGACT	TAACCTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGGTTACTTA	TGTGGTAATT	TCCAATTTGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCA	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTTG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTTATACC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTATAGTA	GGCGGTATAC	1500
50	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CACTTATAAT	GATAAATCTG	1620

55

EP 0 786 519 A2

	TCACCTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC	1740
	ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTTCGAC	1800
5	CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAATA GATAATAGTG	1860
	AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT	1920
	TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG	1980
10	AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATTTA TCaAAATTTA ACaTTAGACT	2040
	CtAtKgtTTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG	2100
	CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC	2160
15	TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT	2220
	TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGTTTTCAAT ACCAACACCT GTTGCAGTAA	2280
20	TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG	2340
	CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTATTT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA	2400
	CAATTAACAT TGCCTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA	2460
25	TAGGTTTATT TGTCCTTGGA CAACGTACCG CATCCGCATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG	2520
	AAGTTGTTCTG TAAAGAAGCA ACGCTCTTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT	2576

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 668 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

40	CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTTGC TAATAATTTT TTCTTGTCTT GGTGAAACG	60
	TTTCATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGCATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG	120
	TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG	180
45	TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCTATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT	240
	GAGCACATCA ATTCTTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTTCT ATGCGTTTCA TCAATTGTTT	300
	ATATTCTAAT TTTTCTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTCA CGTACAGTTG TAGAAGATTT	360
50	AGATTGTTGC TTCAATGTGG ATTTATTTTT ATCTAATGAT TTTTATAAC TTTCATAATC	420
	TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC	480

AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTTGTCG GTTCATCTAA 600
 CAACAGAACA TTTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660
 5 ACCAGATA 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 12173 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTTTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60
 20 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120
 CAAATAAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTCA TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180
 GTGTTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTAA 240
 25 TTTTATTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTAGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300
 CGAAAATTTT TCTTAAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360
 TTTAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATAACTTTC CAATAATGAC 420
 30 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTTCTGTCA 480
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATTG TTAGAATATT TTTTAACATT ATATTTTATT 540
 35 GCTTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600
 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720
 40 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780
 TCAACGATAA TACTATTAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTTAC 840
 AAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900
 45 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATTT GTATTTGGGC 960
 CATGTTTCAGT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTTCCAAG 1080
 50 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTTAAATG 1140
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200

EP 0 786 519 A2

	AAAAGCCTAT TCTATTAAAA CGTGGTTTAT CTGCTACAAT CGAAGAGTTT GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT TGCTTCACAA GGTAATCAAA ACATTATTTT ATGTGAACGT GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA GCGGACACGT AACACTTTAG ATATTTCAGC AGTACCAATT TTAACAACAG	1440
	GTACACACTT ACCAGTCATG GTAGATGTTA CGCATAGTAC AGGTCGTAAA GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC GAARsAgCAT TAGCAGTTGG TGCTGATGGA GTTATGGCTG AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT GTTGCACTTA GTGATGCGGG TCAACAAATG GATTTAGATG AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT GAATTAAAGC CTTTAGCTGA TTTATATAAC GCTAAAAAGT TAAAATAATA	1680
15	TTCCAAGGAA ACTATAGACT ACTTAACTAA TATGTCATGT TGAAGTAGAA TATTATCTTT	1740
	GAATCGACAA TTTTAACTT ACAGCCATTG TAAGAGTATA TTACTTTTAG AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA TAGAAATAAA GGTATACTGC ACTTAACGAT TGTTATAATA CTTGACACT	1860
20	TGTTCAATTT CACAATTATT AAAGATTATG ACTGATAGCA GTAATTAAAA TTATACTAT	1920
	GAATTATCTG TAAAATATAA TAGATTACAA CATTGTGTGC TGAAATGTGA ACATTTTCA	1980
	ACAAATGCAA TTGATATTTG AAAAGGCTTT CTCAAAACAT TACAATTAAA AATGAAAAAA	2040
25	GTTTATATAA AATTAAAATA TATCGTTCGT TATCATTTAG CGTTTGTITT TATTTCAAGC	2100
	TTTTCGCTAA ATTTTTCCAA ACAAAAATAT GTTACTGTAA ATTAAAATAT GGTAAGCTAT	2160
	GAAAATGAAA TGAAAACATG TTATTATAAT GAATAAACG TTTACAAGGA GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA TATATGATGT AGCAAGAGAA GCGCGTGTCT CTATGGCCAC AGTGTCGCGT	2280
	GTTGTTAATG GGAACCAAAA TGTAAAGCA GAACTAAAA ATAAAGTTAA CGAAGTCATT	2340
	AAGCGTTTGA ATTATCGTCC AAATGCTGTT GCTAGAGGTT TAGCTAGTAA AAAGACAACA	2400
35	ACAGTAGGTG TGATCATTCC AGATATATCT AATATCTATT ATTCACAACCT TGCTCGTGGA	2460
	CTTGAAAGATA TTGCAACAAT GTATAAATAT CACTCAATTA TTTCAAATTC AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG AAAAAGAAAT TTTAATAAC TTATTAAGTA AACAGGTTGA TGGTATTATT	2580
	TTCCTTGGTG GTACAATTAC TGAAGAAATG AAAGAATTGA TAAATCAATC ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT CAGGAACAAA TGGTAAGGAT GCACATATAG CATCAGTTAA TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG CGAAAGAAAT TACGGGAGAA TTAATTGAAA AAGGCGCTAA ATCATTGCT	2760
	TTAGTAGGTG GAGAACATTC TAAAAAGCT CAAGAAGATG TTTTAGAAGG TTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA AAAATGGCCT TCAATTAGGT GATACATTGA ATTGTTCTGG TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG GCGTAAAAGC TTTTGCCAAA ATGAAAGGCA ATTTGCCAGA TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG ACGAAGAAGC AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA	3000

55

EP 0 786 519 A2

	CCACAAC TTT CTAGTGTTAT TCAACCATTA TATGATATCG GTGCAGTAGG GATGCGCTTA	3120
	TTAACAAAAT ATATGAACGA TGAAGAGATA GAAGAACCAA ATGTAGTTTT ACCTCACAGA	3180
5	ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAAATT CACAAAATTA GGCATTTCATC TAACGACCCA	3240
	AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG	3300
10	TTACTTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTATTTT	3360
	TTTCACTAAT TTCTTTTGTG CGGGGGACAT AGGTATAATC ATTTAAACGA TCTTCCCATC	3420
	TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTTATT AATCCATTCT AACGGTAAAT	3480
15	AACCACTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA	3540
	CGACTCTCCA AATATGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG	3600
	AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTCATATAA TGAATGTAAC GTACAATTTA	3660
20	GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG	3720
	GTTTAAACT CTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA AACTTCCAAA AATGATGCAT	3780
	CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC	3840
25	GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTTCATGG ATAGAATAAG	3900
	TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG	3960
30	TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA	4020
	TATCATTGTA TATACAAAA CCCTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC	4080
	CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC	4140
35	CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATTG TCTTCATCAT	4200
	TTAATCCATA TTTCTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG	4260
	CTTCTGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT	4320
40	GTAATATTTG TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTTA	4380
	AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTGGTTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT	4440
	AAACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT	4500
45	AAAAGAAAA CCGATTGATA TAACGAATAT CATCAAACGC TTGTTGCTGT TCTAATGTAA	4560
	TGTTTTTGCC AATTCTTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTTATT TCTGGATCAT	4620
	CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAAACG CTGCATTAAT TTTTATAGT	4680
50	CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTAAAT CCAATGCCA GTAATATTCT GTAGTTATAA	4740
	CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT	4800

55

	TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTCATCAG GATAGTGGAA AGTGACATAA CCCACAATGA	4920
	GTTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTGTGAATT TCTAACAAAG	4980
5	CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT	5040
	TCAAATCTtC GTGTGTTAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT	5100
10	CTTCGGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT	5160
	TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAGT	5220
	AAAAATTTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTCACAT	5280
15	AACAAAGGGG GAGTTTCAAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA	5340
	CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAGCATT	5400
	TTCTTGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA	5460
20	TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA	5520
	TACTTATAAA GATATGCAAC GGTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC	5580
	AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCG CGTACACCTG AACTATATTT	5640
25	TGCGTTGTTA GGTGTTTTAA AAATTGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTAT	5700
	GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTTAA TTACTAATAA	5760
30	GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT	5820
	AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCAATTAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA	5880
	TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG	5940
35	TTCTACTGGG cAACCTAAAG GtGTATTGCA TGTTCACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT	6000
	TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC	6060
	AGGTGGGTT aCAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGCACCA TGGTTAAATG GCGCTACAAA	6120
40	TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTCCGCCAGA ACAGTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA	6180
	AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA	6240
	TATTGTTGAG AAATATGACT TGTATCGTT ACGTTGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT	6300
45	AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG	6360
	GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTTAACTAT CCAACGATGG ACGTcaAGCT	6420
50	TGGCTCAATG GGCAAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA	6480
	TGAATTACCA CCAAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT	6540
	GTATCGTATC TGGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT	6600

55

EP 0 786 519 A2

	TGATGTAATT ATGACAGCTG GTGAACGAGT TGGACCATTT GAGGTTGAGT CTAAATTGGT	6720
	TGAACACGAA GCAGTTGCCG AAGCAGGAAT TATTGGTAAA CCTGATCCGG TTCGCGGTGA	6780
5	AATAATTAAG GCGTTTGTG CACTGAGAAA AGGATATGAA CCAACAGACG AATTAAAAGA	6840
	AGAAATTCGT ATATTTGTTA AAGAAGGTTT GTCGGCACAT GCAGCACCAC GTGAAATCGA	6900
10	ATTTAAAGAT AAATTACCTA AAACACGGTC AGGTAAAATT ATGAGACGTG TATTAAAAGC	6960
	TTGGGAATTA AATTTAGATG CTGGGGATTT AAGTACAATG GAATAATGAC ATGAATGTTA	7020
	TTGAAGATTT TTTTCGAAGA ATAAAGGGTG ACAACATATT TCATGTCAAT GTTTAAATAA	7080
15	TCGTTTACTT TACGATAAGC AATATAAAGA ACTGTTAACT TGTGTCATAT CATTTCGTAG	7140
	AAAGCATTTG AAAATGATGA CATAACAATA ATGGCATATC TTTATATTGC TTTTATTTTT	7200
	TAATATGATC TTTGGAAGAT GATTATTTTA AATAATAGAA AAATATAGTT ATCAATAGTA	7260
20	TCAAGCGCTA AAAGTTGTAT AATACAAAAC TTTAATAAGT GAATTTATTG CAAAAATGAA	7320
	AGCGCTAACC CGATTTAGTC GACAAGTTTT TAACAGTTCG TTATTATATG AATGTAAGTA	7380
	AAAATTTCTT AGCTACAAC TACATATTAT AAATGCATAA ATTAAACAAA AAGGGGCGAA	7440
25	AAAAGTTGAC TCATTTATCA GATTTAGATA TTGCGAATCA ATCAACACTA CAACCAATTA	7500
	AGGATATTGC TGCATCAGTA GGTATTTTCAG AGGATGCATT AGAACCTTAT GGTCATTACA	7560
30	AAGCTAAAT CGACATTAAT AAAATTACGC CAAGAGAAAA CAAAGGGAAA GTTGTTTTAG	7620
	TAACTGCGAT GAGCCCAACA CCAGCTGGTG AAGGTAAATC AACGGTTACA GTTGGTTTAG	7680
	CTGATGCATT CCATGAGTTA AATAAAAACG TTATGGTTGC ATTAAGAGAG CCTGCTTTAG	7740
35	GACCAACATT TGGTATCAAA GGTGGTGCGA CTGGTGGTGG TTATGCGCAA GTCTTACCTA	7800
	TGGAAGATAT CAACTTACAT TTCAACGGAG ATTTCCATGC GATTACAAC TCAAATAATG	7860
	CATTGTCTGC GTTTATCGAT AATCATATTC ACCAAGGTAA CGAATTAGGA ATCGATCAAA	7920
40	GACGTATTGA GTGGAAACGT GTATTAGATA TGAATGATCG TGCACTTAGA CATGTAAACG	7980
	TTGGGTTAGG TGGACCTACA AATGGTGTAC CACGTGAAGA TGGCTTTAAT ATTACAGTAG	8040
	CGTCTGAAAT TATGGCGATT TTATGTTTAA GTAGAAGTAT TAAAGACTTA AAAGATAAAA	8100
45	TTAGTCGTAT TACTATTGGT TACACTAGAG ATCGCAAGCC AGTTACAGTT GCAGATTTAA	8160
	AAGTGGAAGG TGCACTTGCA ATGATTTTAA AAGATGCAAT AAAACCAAAC TTAGTACAAT	8220
50	CAATTGAAGG GACACCTGCA TTAGTTCATG GTGGACCATT TGCGAATATC GCACACGGTT	8280
	GTAACCTCAAT TTTAGCAACT GAAACAGCAC GTGATTTAGC TGATATCGTT GTAACGGAAG	8340
	CTGGATTTGG TTCAGACTTA GCGCTGAAA AATTCATGGA CATTAAAGCG CGTGAAGCAG	8400
55		

EP 0 786 519 A2

	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAAAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GGCGTTGACT	8700
10	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GGCGGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAC AATTAAAACA ATTTAAAGAA AATGGTTGGG	8880
15	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTCAAT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGAATATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAAA CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTACGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAATAGAT TCAATTTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAATGTTTG AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAAATAGGT TGCAATATTT	9360
30	AATTGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAAITATTA TCAATTAAAT	9420
	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTATTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAACCTC AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TAACTAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTTCTTCGA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
50	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200

55

EP 0 786 519 A2

AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG 10320
 CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG 10380
 5 AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG 10440
 ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA 10500
 10 TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG 10560
 TTGAACCAGC AACTGTCATT TTTACAAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA 10620
 CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT 10680
 15 TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTCG TTTCCCAGTA TCTAATGGTA 10740
 CGAGAGAAGT TAAAATTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG 10800
 ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTTACTAATAA CCCAGACGAC TATGTGGATG 10860
 20 AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCGGTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA 10920
 GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCGGAAT 10980
 ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA 11040
 25 CGGAATTTGA AAATGTtACA CCTACAAATG ATCAATTAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT 11100
 TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC 11160
 CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA 11220
 30 GTTACTGCAA AGATTTAATT GTAGAAGGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA 11280
 AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCCA 11340
 TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA 11400
 35 ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA 11460
 ATGTACAAAC AGGACAAGAA GGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAAGCTGAA AATAGCAGCA 11520
 40 CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG 11580
 TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTTAT 11640
 CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA 11700
 45 TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT 11760
 CTAATGTCGA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC 11820
 ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA 11880
 50 ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA 11940
 TTCATAAAAC TGTAAGATAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG 12000

55

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCCT AAATTCAGAA 12120
 AAGAATCTAA ATAATTAnCT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1316 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTCCGAGT GATAAGTATG 60
 CACGCACTTG ACTTAACTCT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTTGTAAT 120
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCTG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTCC ACAAAGTTA 360
 AATCATTAGG GTTTGTAAAA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540
 TTTCATTTGT TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTTCATTTT 600
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660
 GTGCCGATT TCTATTCAAT CCTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720
 GTACATCATG TGTTTGAACA GCCTTCATTT GCTCCTCTTG CTTTAATGTT GAAATGATAA 780
 TAGACATAAA AATCGCCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTGGTAGT GCAATTAATG 840
 ATATGAGGTC AACCGCATAT GCTTTGTCGT GGGAAAATGT TAAAATGCTC AACATTTGAA 900
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGGTAA CGCTTGCGTC 960
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020
 AAACCTGTGC ATCCGCCCCA CCCATATACA CTCTGAAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080
 ATAGACCTAC AAAAGGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAAACTGAAA ATAATACATA 1260

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 312:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7972 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 312:

	TATAAATATT ATTTTATTAT CGTTTATCGC TATTTGTGTT ACATAATCAA AACCATAAAT	60
15	TCTTACTCAT TCAGATTTAC CCAATATTTT TACTTTTATA ATGTAATGCG TTTTATCCAA	120
	GTTATTTTTT AAAAATAAAT ATTGAATTnG GGGCTGnTTT CATGTCATTA AGAGATGAAG	180
	CATTGGAAAT GCACAAACGT AATCAAGGTA AATTAGAAGT TAAACCAAAT GTAAAAGTTA	240
20	CTAATAAAGA GGAATTAAGT TTAGCATACT CACCTGGCGT TGCTGAACCG TGTAAGATA	300
	TTTATGAAGA TAAAAGAAAA GTATATGATT ACACAATTAA AGGAAATACA GTTGCAGTTA	360
	TTACTGATGG AACAGCGGTA TTAGGTTTAG GTAACATTGG ACCTGAAGCA AGTATTCCTG	420
25	TAATGGAAGG TAAAGCAGTA TTATTCAAAA GCTTCGCTGG TATCAATGGG GTGCCTATTG	480
	CGTTAAATAC AACTGATACC GAAGAAaTCA TTAAAACAGT TAAGTTGTTA GAACCTAATT	540
30	ATGGTGGTAT TAATTTAGAG GATATTTCCG CACCACGTtG TTTTGAAATT GAAGAACGAT	600
	TGAAAAAAGA AACTAATATT CCGGTATTCC ATGACGATCA ACATGGTACA GCAATTGTAA	660
	CATTGGCAGG TTTGGTAAAT GCATTGAGAG TTGTTAACAA AGATATTGCT AAAATAAAAG	720
35	TTGTACTAAA TGGTGCTGGT GCAGCAGGAA TAGCCATTGT TAAATTACTA TACGCGTATG	780
	GTGTAAGAAA TATGGTTATG TGTGACTCAA GAGGCGCAAT TTTTGAAGGA CGTTCATATG	840
	GTATGAATCC TACGAAAGAT GTTGTAGCAA AATGGACAAA TAAAGATAAG ATTGAAGGGT	900
40	CTTTAGAAGA AGTCGTAAAA GACGCAGATG TATTTATCGG GGTTTCTGTA GCTAATGCGC	960
	TGTCACAAGA TATGGTTAAG AGTATGGCAG ATAATCCAAT TATATTTGCA ATGGCTAATC	1020
	CAAATCCTGA AATAATACCT GATGATGCCA AAGCGGCAGG TGCACGAGTT GTTGGTACAG	1080
45	GACGTTCAGA CTATCCTAAC CAAATTAATA ATGTATTAGC TTTCCCTGGT ATTTTTAGAG	1140
	GTGCATTAGA GGTTGAAGCT ACACATATAA ATGAAGAAAT GAAAAAGGCA GCTGTAGAAG	1200
	CGATTGCTGA TTTAATCGAT AGTTCTGAAT TAAATGAAGA CTA CTGTATC CCAGGACCGT	1260
50	TTGATAAACG TGTAGCGCCA TCAGTTGCTC GTAATGTTGC TAAAGCGGCA ATGGAATCTG	1320
	GAGTAGCTAG GATTGAAGTT GATCCGCAAG ATGTGTATGA TAAAACAATG AAACCTACAG	1380

	ATTAAATGA TGAAATGAA AGTTTATGAT AAACATTCAA CAGTCAAACG AATATAAATC	1500
	AAATAAATTT AAACCCGTTT TTAAGTGGTC AAGTTCAGTT TAAGGCTCTA AATGGTTAGA	1560
5	ACAGAGGTTA TTTGGAGGTT TTCCTATGTT TAAAGATTTT TTTAATCGAA CAAAGAAAAA	1620
	GAAATATCTT ACAGTACAAG ACTCTAAAAA TAATGATGTG CCTGCAGGTA TTATGACTAA	1680
10	GTGTCCAAAG TGTAAGAAAA TTATGTACAC AAAAGAATTA GCTGAAAATT TAAATGTGTG	1740
	CTTTAATTGT GATCATCATA TTGCTTTAAC TCGGTATAAA CGTATAGAAG CAATTTCTGA	1800
	TGAAGGATCA TTTACAGAAT TCGATAAGGG AATGACCTCT GCGAATCCAT TAGATTTTCC	1860
15	aAGTTATTTA GAAAAAATTG AAAAGGACCA ACAAAGACA GGTCTTAAAG AAGCAGTTGT	1920
	GACTGGTACA GCACAAC TAGTGGTATGAA ATTTGGCGTT GCTGTCATGG ATTCACGTTT	1980
	TAGAATGGGA AGTATGGGAT CGGTTATCGG TGAAAAGATA TGTCGCATCA TTGATTACTG	2040
20	CACTGAGAAC CGTTTACCAT TTATTCTTTT CTCTGCAAGT GGTGGTGAC GTATGCAAGA	2100
	AGGTATTATT TCCTTGATGC AAATGGGTAA AACCAGTGTA TCTTTAAAC GTCATTCTGA	2160
	CGCTGGACTA TTATATATAT CATATTTAAC ACATCCAACT ACTGGTGGTG TATCTGCAAG	2220
25	TTTTGCATCA GTTGGTGATA TAAATTTAAG TGAGCCAAAA GCGTTGATAG GTTTTGCAGG	2280
	TCGTGAGATT ATTGAACAGA CAATAAACGA AAAATTGCCA GATGATTTC AACTGCAGA	2340
30	ATTTTTATTA GAGCATGGAC AATTGGATAA AGTTGTACAT CGTAATGATA TCGTCAAAC	2400
	ATTGTCTGAA ATTCTAAAAA TCCATCAAGA GGTGACTAAA TAATGTTAGA TTTTGAAAAA	2460
	CCACTTTTGT AAATTCGAAA TAAAATTGAA TCTTTAAAG AATCTCAAGA TAAAAATGAT	2520
35	GTGGATTTC AAGAAGAAAT TGACATGCTT GAAGCGTcAT TGGAACGAGA AACTAAAAAA	2580
	ATATATACAA ATCTAAAACC ATGGGATCGT GTGCAAATTG CGCGTTTGCA AGAAAGACCT	2640
	ACGA [~] CCCTAG ATTaTATTCC ATATATCTTT GATTCTTTA TGGAAC TACA TGGTGATCGT	2700
40	AATTTTAGAG ATGATCCAGC AATGATTGGT GGTATTGGCT TTTTAAATGG TCGTGCTGTT	2760
	ACAGTTaTTG GACAACAACG TGGAAAAGAT ACAAAGATA ATATTTATCG AAATTTTGGT	2820
	ATGGCGCATC CAGAAGGTTA TCGAAAAGCA TTACGTTTAA TGAAACAAGC TGAAAAATTC	2880
45	AATCGTCCTA TCTTTACATT TATAGATACA AAAGGTGCAT ATCCTGGTAA AGCTGCTGAA	2940
	GAACGTGGAC AAAGTGAATC TATCGCAACA AATTTGATTG AGATGGCTTC ATTAAAAGTA	3000
	CCAGTTATTG CGATTGTCAT TGGTGAAGGT GGCAGTGGAG GTGCTCTAGG TATTGGTATT	3060
50	GCCAATAAAG TATTGATGTT AGAGAATAGT ACTTACTCTG TTATATCTCC TGAAGGTGCA	3120
	GCGGCATTAT TATGGAAAGA CAGTAATTTG GCTAAAATTG CAGCTGAAAC AATGAAAATT	3180

55

	GGTGACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTTGCACAG	3300
	TTAGATTCAC TTGAGTCATT ATCACGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGAAAAATTC	3360
5	AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT	3420
	GGGTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAA ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT	3480
10	TAACTAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTTAATTAA GTTAAAATAA	3540
	AATTCAATAT TTTAAACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT	3600
	CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA	3660
15	GAAAATTGCA GTTTTAACTA TGCGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC	3720
	AGTTGTTCGT ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA	3780
	AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA	3840
20	GCGTGGAGGT ACATTCTTGT ATTCAGCAAG ATGTCCAGAG TTTAAGGAGC AAGAAGTACG	3900
	TAAAGTTGCA ATCGAAAAC TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTGTAG TTATTGGTGG	3960
	TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAGAAA TTCAAACATAT	4020
25	CGGTATTCCT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTTGA	4080
	CACAGCATT AATACGATTA TTGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA	4140
	CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC	4200
30	TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTTCCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA	4260
	AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGAAG AAACACTCAA TCGTTCTTGT	4320
35	AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT	4380
	TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA	4440
	TAGAGTTTTA GCATCACGTT TAGGTGGATA TGCGGTAGAC TTATTAATGC aAGGTGAAAC	4500
40	AGCTAAGGGT GTTGAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT	4560
	TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT	4620
	ATAAGATTTT AGGAGGAATT ATAAAATGAG AAAAACTAAA ATTGTATGTA CAATTGGACC	4680
45	AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTTGCACG	4740
	ATTAACTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA	4800
	AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGtAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT	4860
50	TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGAACCTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT	4920
	TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG aAAACTTAAT	4980

55

EP 0 786 519 A2

	TAAAGATATT GACCATGCTA AAAAAGAAGT TAAATGTGAT ATTTTAAACT CTGGTGAGCT	5100
	TAAAAACAAA AAAGGTGTTA ACTTACCTGG CGTAAGAGTA AGTTTACCTG GTATTACAGA	5160
5	AAAAGATGCT GAAGATATCC GTTTCGGTAT TAAAGAAAAT GTTGACTTCA TTGCAGCAAG	5220
	TTTCGTACGT CGTCCTAGTG ATGTTTTAGA AATTCGTGAA ATTTTAGAAG AACAAAAAGC	5280
10	TAACATTTCA GTATTCCCTA AAATTGAAAA CCAAGAAGGT ATTGATAATA TTGCGGAAAT	5340
	TCTTGAAGTG TCTGATGGTT TAATGGTTGC ACGTGGTGAC ATGGGTGTTG AAATTCCACC	5400
	TGAAAAAGTA CCAATGGTTC AAAAAGATTT AATCAGACAA TGTAACAAAT TAGGTAAACC	5460
15	AGTTATTACA GCTACACAAA TGTTAGATTG TATGCAACGT AACCACAGTG CTACACGTGC	5520
	AGAAGCTAGT GACGTTGCCA ACGCAATCTA TGATGGTACA GATGCAGTAA TGTTATCTGG	5580
	TGAAACTGCT GCTGGTTTAT ATCCTGAAGA AGCTGTTAAA ACAATGAGAA ATATTGCTGT	5640
20	ATCAGCTGAA GCAGCCCAAG ATTACAAAAA GTTATTGTCA GATCGTACTA AATTAGTTGA	5700
	AACTTCATTA GTGAATGCTA TCGGTATTTT GGTGTCACAT ACAGCTTTAA ACTTAAATGT	5760
	TAAAGCAATT GTAGCTGCTA CTGAAAGTGG TTCAACGGCA CGTACTATCT CCAAATATCG	5820
25	TCCACATTCA GACATTATTG CGGTGACTCC AAGTGAAGAA ACTGCACGTC AATGTTCAAT	5880
	TGTTTGGGGA GTTCAACCTG TAGTTAAAAA AGGACGTAAG AGTACAGATG CATTGTTAAA	5940
30	CAATGCAGTT GCAACAGCTG TTGAAACTGG TAGAGTATCT AATGGTGATT TAATCATTAT	6000
	TACTGCTGGT GTACCAACTG GTGAAACTGG AACTACTAAT ATGATGAAAA TCCACCTAGT	6060
	TGGTGACGAA ATTGCTAATG GTCAAGGTAT TGGACGTGGA TCAGTTGTTG GTACTACGTT	6120
35	AGTTGCTGAA ACTGTTAAAG ATTTAGAAGG TAAAGATTTA TCTGACAAAG TTATCGTTAC	6180
	TAACTCAATC GATGAAACGT TTGTACCTTA TGTAGAAAAA GCTTTAGGCT TAATTACAGA	6240
	AGAAATGGT ATTACATCAC CAAGTGCAAT TGTTGGTTTA GAAAAAGGTA TTCCAACAGT	6300
40	TGTAGGTGTA GAAAAAGCTG TTA AAAACAT AAGCAATAAC ATGTTAGTTA CGATTGATGC	6360
	TGCTCAAGGT AAAATCTTTG AAGGATATGC AAACGTACTA TAATTTATAA AAAAACGTCT	6420
	TTCCATTTAT CAACAATGGA AAGGCGTTTT TTGGTTcATC TGGTATTTTA TGACGTAATT	6480
45	AATAGGTTAT TTGATAATGA TAGTGATGA ATGGCAATCT ATATAAATGT TTATATCTTT	6540
	TATACATGTA CATTATCACC TTCAAACCTT CACTCATATT ACTTTGGAAA TTTATTATAA	6600
50	AATAGAAGTA TGGATGTATT TCTGAAATGA TACATTATTA AATAGATGAG AAAGTAAAAG	6660
	TTTTGAGCCA AGTACGCAAT TTAATATTAT AAGTTGCATA TAAAACAGGA TGGGACATAA	6720
55	ATCCCTAAAA AAACAGCAGT AAGATAATTT TCAATTAGAA AATATCTTAC TGCTGTTCTC	6780

5 tCTTCGACTG GCACTGCTCC CTCAGGAGTC TCGCCATTAA TACTACGTAT TAACATGTAA 6900
 TTTTACTTTT ACATACTTTA AAAAAATAAA ACACTTTGCC CAACTTGAC ATAAATGTAA 6960
 AATCAATAA AATGAATTTT CTGTGTTGGG TCCCTTCGTA TAATTTAATA AATACCACTA 7020
 AACTAAATTA ACGAGGTGCC TTATGTATAA AATTTATAAC ATGACCCAAC TTACTACTACC 7080
 10 AATAGAAACC TCTGTTAGAA TTCCTCAAAA TGATATTTTCG CGATATGTTA ATGAAATTGT 7140
 TGAAACGATA CCTGATAGCG AATTCGATGA ATTCAGACAT CATCGTGGCG CAACATCCTA 7200
 TCATCCAAAA ATGATGTTAA AAATCATCTT ATATGCATAT ACTCAATCTG TATTTTCTGG 7260
 15 TCGTAGAATA GATAAATTAC TTCATGACAG TATTCGAATG ATGTGGTTAG CTCAAGATCA 7320
 AACACCTTCT TATAAAACTA TTAATCGTTT TAGAGTGAAT CCTAATACTG ATGCGTTAAT 7380
 TGAATCTTTA TTTATTCAGT TCCATAGTCA ATGTTTAAAG CAAAATCTTA TTGATAATAA 7440
 20 TTCAATTTTT ATTGATGGTA CAAAAGTAGA AGCTAATGCC AATAGATATA CATTTGTGTG 7500
 GAAGAAAAGT ATTCAAAATC ACGAATCGAA ATTGAACGAA AATTCAAAAA CATTATATCG 7560
 TGACTTAGTT GAAGAAAAAA TAATACCAGA GATAAAAGAA GATGGAGATA GCGATTTAAC 7620
 25 AATAGAAGAA ATAGATTTAA TTGGTAGTCA TTTAGATAAA GAAATCGAAG ATTTAAATCA 7680
 TTCTATTGAG AACGAAGATT GTGCTCAAAT TAGAAAACAG ACCCGTAAAA AAATAACTGA 7740
 GATTAAGAAG TTCAAAAAGA AATTTGATGA TTATTCCGAA AGAAAAATA AATATGAAGA 7800
 30 ACAAAAATCG ATTCTTAAAG ATAGAAATAG TTTTCTAAA ACTGATCTGA TCATGATGCA 7860
 ACTTTTATGA GAATGAAGGA AGACCATATG AAAAATGGCC AACTTAAGCC AGGATACAAT 7920
 35 TTACAAATAG CGACAAATTC TCAAAAATGT TTTATCCTAT GACCTATTTT AA 7972

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3175 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

ATTTTTTAGT TAATTGTCTT TCTTAAATA ATTTTAGCTT TCATTAAATT AAACAATTTT 60
 ACAAGCTTGG AACACCAATC AAAATCCTAA GTTCTAAAT GCAATATTAG TAGTCGTTGA 120
 CTGAATGAAC ATATGCTTAT AATATTTTTT TGCAATGCTA GTCAAGTTGA TTTATGCTCA 180
 CAAGGATATG CGATTTATAT TTTCTTACAA CAATGAAAAT GCCTGATACA ATGCGATCCT 240

	AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATGTGA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC	360
	CTTTTGGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA	420
5	TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTGA CAAAACCTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT	480
	GTCCATTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG	540
	TTGCAGTAAT CGGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAATATAT	600
10	CGTTTAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAa	660
	CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTTG	720
15	CATAAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTTC ATTACTTCTA	780
	CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA	840
	TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGAcTAGCCG	900
20	CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC	960
	CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACGT TATACCTTTA CCAACTAAGG	1020
	CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCTTTGCCAT TATATGTGAT GGTACTAAa CTCGGTTTAT	1080
25	GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTAATA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTCAT	1140
	AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA	1200
	ATGTTTGTGG TGtTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG	1260
30	aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA	1320
	GGkTTAAATT CGTCTTAAAC GGtGCCTTCT kACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG	1380
35	kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT	1440
	TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTca ATGTGTCTG ACTTTATGTA	1500
	TTGGAAAAGA TGTCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA tACGTGTCTT TAAGTTTCCT	1560
40	AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTTGACAT CAAATGCAGT TGTATAAATC	1620
	TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTTTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA	1680
	TCGATATGAT TAAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC	1740
45	AATGTATTTA TTTCGTTGCT TAGTGTGTGA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT	1800
	AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG	1860
	GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACCTTATT TAAAGCCTAG	1920
50	AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACCGC ACGTGTATCA	1980
	ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAAA TACCATACCT	2040

55

GTTGATTCAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTGTAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT 2160
 GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG 2220
 5 TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTTA AATCTTGCTT TGTAACGATA 2280
 CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAAAT TACTACCAG TACACCAGCT 2340
 GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTAAATTGT TGTTTTTCAC CATCTACTTC AACTACAAAA 2400
 10 CCTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT 2460
 AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGGTAACAT TTTAGGTGCT 2520
 GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTTGCT ACATAATTCA 2580
 15 GGAATTTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT 2640
 AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT 2700
 20 TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT 2760
 TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTCACCTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAAATATCA 2820
 AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTCCTACC TTTTGTAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTTACT 2880
 25 TCTGCTTGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA 2940
 TCTTCATAGT TTAGTGATCC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT 3000
 TCATTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTTG ATATCGCTTT TTGCAATTGA 3060
 30 GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA 3120
 GCCATTTAAT TnCACCTAAG CnTTCATATT TTTTAAACCA AATGCTGATA ATTAC 3175

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

45 CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA gAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT 60
 AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC 120
 ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT 180
 50 GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTCGCT TAACACAAGA GATGCCACAT 240
 GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG 300

55

TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420
 AGACCAATTG GTATTTATAT TTTAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480
 5 GGTATTACAA CGTATTTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540
 AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600
 CAACGTTTTA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGtTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660
 10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGAnAAAACC ATCGGCATCA TC 702

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4121 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60
 25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGArG TCCTGCTTGG 120
 ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGATAGT 180
 GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240
 30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300
 CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GGCGCATTAT 360
 ATTTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTTGGA TTAATAAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420
 35 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480
 TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTCTG AATCCAACAA 540
 40 AGACTAAACC TAAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTTCTT 600
 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660
 TTATTAAAC AAGAGGCAAT TCAAATAACT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720
 45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAAT TCGGCTGTAA 780
 TGAAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840
 TTGTATCATG ACTCATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900
 50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960
 CGATAAATCA TAGTACCAAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

EP 0 786 519 A2

	TTGTTTGGCA TATGAATGTC TTTGTAATTA TGGTTGTCTA AGTAATGACG ACCATGTTCT	1140
	TTCATATCAA CAAATGTGTC GTAGTCATTC CAATCTGGTG TAATGGCAAA GTTGTATTTA	1200
5	GGTGGAATTG CTGATGCAGT AGTCCACTCT AGAGTACGAC CAAGGCCATC CCAGTTATCT	1260
	CCAGTTGCTT CACGTGGAGA TTTGAAGTGA CTGTATACGA TACTAACAAC AAGGAATAAG	1320
10	AATCCGATTG CCATTAATAA TGCACCGATA GTTGAAATTA AGTTTAATAA GAACCAACCA	1380
	TCTGATGGCA TATAAGTGTA TAAACGACGT GGCATACCAT CTAATCCAAG AATGAATTGT	1440
	GGTAAGAAAC AAACGTTAA TCCGATCATG AAGAACCAGA AGCACCATT GTTTAATGTT	1500
15	TCGTTTAATT TGTAACCCAT CATCTTTGGA TACCAGAAGA TTAAACCAGC TAAGCAGGCA	1560
	AATACAACAC CAGTAACCAA TGTATAGTGG AAGTGAGCTA CTAAGAAGTA CGTATTGTGA	1620
	TATTGATAGT CAGCTGATGC CATTGCTAAC ATTACACCCG TAACACCACC TAAAAGGAAG	1680
20	TTAGGGATAA ATGCTAATGA GAATAGCATT GGTGACTCAA ATGTAATACG TCCTTTATAT	1740
	AATGTTAATA ACCAGTTAA CAATTTTACA CCAGTTGGAA TACCAATCAG CATTGTTGAA	1800
	ATTGAGAAGA ATGAGTTGAT TAACGCACCA TTACCCATTG TGAAGAAATG GTGAACCCAA	1860
25	ACTAAGAAAC TAAGGAACGC GATACCGGCA GTTGCCCATA CCATACCTTG ATGTCCGAAT	1920
	AAACGCTTAC GAGCGAATGT CGGGATAATT TCTGAGTAA TACCAAATGC TGGAAGGATA	1980
	ACGATATAAA CTTCAGGGTG CCCCCATACC CAGAAGAAGT TAGCCCAAAG CATTGGCATA	2040
30	CCGCCATGTG CAACTGTGAA GAATGCTGTG TCAAATATTC TATCAGTTGT CATTAAATGCT	2100
	AACGCTACTG TTAAAGGAGG GAAAGCAAGA ATAACAATTA ATGTAGTAAT AAATGTTGTT	2160
35	ACTGTAAACA TTGGCATTG CATAAACTTC ATAGTTGGTG TTTTACATCT TAAAATTGTT	2220
	ACAAAGAAGT TGATACCTGT AGCTAAGGTA CCAAGCCCTG AAATTTGTAT AGCTATTAAG	2280
	TAATAGTTAA CACCCGACC AGGACTGAAT TCACCTGCTA GTGGCGCATA GTTTGTCCAA	2340
40	CCAGCTGCTG GTGAACCACC AATAATAAAT GACAGGTTGA ATAAATCAT ACCTGCAAAG	2400
	AATAGCCAGA AACTTACGTT GTTTAATACT GGGAAATGCAA CATCACGTGC TCCAATTTGT	2460
	AATGGAACAA CGATATTCCA TAAACCAAAG ATAAATGGCA TTGCCATGAA GATAATCATG	2520
45	ATTACACCAT GTGTACTAAA AATTTCGTGA TAGTGTTAG ATTCTAAAAA TTTGTTATCA	2580
	GGTACTGTTA ATTGCGCAGC AATAAGTAAC GCATCAATAC CACCACGGAC GAACATTAAT	2640
	ACGGCACAGA TTAAATACAT AATACCGATT TTCTTATGGT CTACAGATGT GAACCATCT	2700
50	TTGTAAAGAT ATTTCCATAA TTTAAAGTAA GTAATTACTG CGATTAAACC AATAACTAAG	2760
	AATGGGGCAC CAATTTGTGC CATTGTAATC ATCAGTTAC CTTTAACTAG TAATTGATCC	2820

55

TTGAAATTTT CTTCAATTTCT TTCGCATTTT TCGATTTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT 2940
 ATGGTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG 3000
 5 TAATTGAGC TTACGAGCA GGTATTAATG GTTTGTCTGA TACATCTTTA AACATATTTT 3060
 CTTCACTAGT GAAGTTTGA TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA 3120
 TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTA AATTCTAAAG 3180
 10 CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAAATGT ATCTTGATCT AACGTTTTCT 3240
 TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTTGTCGT AGTCTTTTGG ACTAACGGCA TTTACTTTAA 3300
 ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATTTGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG 3360
 15 TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTGACCAC 3420
 CTAATGTGG AATCCAGAAA CTGTCTATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG 3480
 GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTCATCT GGATAAGCAA 3540
 20 AGAACCATTG GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG 3600
 GTGGTTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTTAA CTGTAGGAAT AGCTAAAGCA GCAACGATTA 3660
 25 TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT 3720
 CGGCATCTTT ATTATAACTA TACTTGTAAG TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA 3780
 AACAAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACTTCTGA CTACTTGCTA 3840
 30 CTGGCCCTTT TGCGTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC 3900
 CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG ACACTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT 3960
 GTAGGGCTTA ACATTAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA 4020
 35 AATTAATAAA ATTGTATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT 4080
 TGTTAAAATT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T 4121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 9310 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50 CGAGTGAGTA CAmACATATT TTTATTTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT 60
 ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC 120

55

EP 0 786 519 A2

	TTGGATTACG	ATTAGTTGAA	AAGTCGGTTA	ATCAAGACAA	TCCTTCAATG	TATCATTTGT	240
	TTTATGGGGA	CGAAgTAGGT	ACAGCCGGAA	CAATTTTAAG	CTTTTTTGAA	ATTCCCAATG	300
5	CGGGTCATAA	GCAGCCAGGT	ACTGAAACGA	TTTATCGATT	TTCATTATTA	GTACCAAATC	360
	AAGCGGCACT	TCATTATTTT	GAAAAACGTC	TTGAGAATAA	TGGTATTAAG	TCTGAACGTT	420
	TGTACTATCT	TGGACAAGAA	GGTGTGTCT	TTAAAGATGA	AGACGACTTA	GAAATCATAT	480
10	TGCTTGTTAA	TGATAGTTTT	GAAGTACCAC	ATCAATGGCA	ACATAACGCT	TATAGTGAAA	540
	TACCTCAAGC	ATATCAAATT	TTAGGAATAG	GGCCAGTCGA	ATTAAGAGTT	AGAAATGCAG	600
	CGCGTACGGT	AGAATTTTTG	GAAAAATGCT	TAGGTTATCG	CAAAAGAGAT	AATAAATCAT	660
15	TCGATGTGCT	GACATTAGCA	CCACAAGGTT	TATATTCGGA	TTTTGTAGTT	ATTGAGCAAC	720
	AGGGACAACG	TGAAAGACCT	GGACGAGGTT	ATATCCATCA	TATTGCAGTT	AATACACCAC	780
20	AAATGAGTGA	CTTAGATGCA	ATTTACAAGA	AATTACAACA	ACAACCACAA	AGTAATTCAG	840
	GTATAATTGA	TCGCTATTTT	TTTAAATCAT	TATACTATCG	CCATAATTCA	ATTATGTATG	900
	AATTTGCGAC	TGAAGCGCCT	GGATTACTA	TTGATACACC	TGTTGAACAA	TTAGGAAGTC	960
25	AATTGAACTT	GCCTGACTTT	TTAGAAGCAG	AACGTGAACA	AATTGAAAGT	AAGTTACACG	1020
	AAATATAAAG	GAGAATGTTT	AATGGCCAAA	TTAGAAATGA	ATAAAAATAC	GCCTCTTGAG	1080
	TTTGGTTTGT	ATTCCTTAGG	TGATCATTTA	TTGAATCCAT	TGAAAGGTGA	AAAAGTTAGT	1140
30	TATGAGCAAC	GTATTAATGA	AATTATTGAA	GCAAGTAAAT	TAGCAGATGA	AGCAGGTATT	1200
	GATGTTTTTG	CAGTTGGTGA	AAGTCATCAG	GAGCATTTTA	CAACACAGGC	ACATACGGTT	1260
	GTGTTAGGTG	CAATTGCCCA	AGCGACAAAG	CATATTAAAG	TTTCAAGTTC	TTCAACGATT	1320
35	ATTAGTGCAc	AGATCCTGTA	AGAGTATTTG	AAGACTTCGC	GACATTAGAT	TTGATTTCTC	1380
	ATGGTAGAGC	CGAAATTGTA	GCTGGCAGAG	CATCAAGAAC	AGGTATTTTT	GACTTGTTTG	1440
40	GCTATGATTT	AAAAGACTAT	GATGAATTGT	TTGAAGAAAA	ATTAGGTTTA	CTTTTAGAGT	1500
	TAAATAAAAC	TGAGCGTATT	ACTTGGTCTG	GAAAATATCG	TCCAGAACTT	AGAAATATGA	1560
	AAATATTCCC	AAGACCAATC	GATAATATAT	TGCCAATATG	CCGTGCTGTT	GGTGGTCCAC	1620
45	CTGCAAGTGC	TATTAAAGCG	GGAAAACAAG	GTGTGCCAAT	GATGATTACA	ACCCTTGGTG	1680
	GCCCAGCAAT	GAACTTTAAA	GGTCTATAG	ATGCTTATCG	TCAAGCGGCA	ACTGAAGCAG	1740
	GTTTCGATgc	TTGCGCTAAG	TCTTTACCAG	TAAGTACAGC	GAGTCTGTTT	TATACAGCTG	1800
50	AAACAACCTCA	GGATGCTATG	AGAGAATTTT	ATCCACATTT	GAATACAGGG	ATGTCATTTA	1860
	TTCGTGGTGT	TGGTTATCCG	AAACAGCAAT	TTGCTAATTC	GTCAGATTAT	CGAGAAGCGC	1920

55

EP 0 786 519 A2

	GTCATCAACG TTTTATGGCA CAGCTTGATT TTGGCGGTGT GCCATTTGAA AATGTTATGA	2040
	AGAATATTGA GTTAATTGGC AACGACATTA TACCGGCGAT TAAAAAGCAT TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG TCATCATGAA TATTGTATTA TTGTCAGGTT CCACAGTAGG TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA TGGATGATTT AAAAAATGAA CTAGAAGTCA TCAATGAGGG ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG ATTTACGAGA ACTTGAATTA GAATTTAGCG TTGGAAAGAA TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG ATGTATATAA ATTAACGACG TCGTTAATGC AGGCTGATGT GATTTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA TTTTCAAGC TTCCATCCCT GGTGCTTTGA AAAATGTGTT TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG CGTTTCGTGA CAAGGTAATA GGACTTGTAG CGACAGCAGG TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA TTCCTGAAAT GCATTTAAAA CCAATATTGA GTTACATGAA AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT ATGTATTTAT TGAAGAGAAA GATTTTTCAA ATCAACAAAT TGTCAATGAT	2580
20	GATGTTGTAT TTCGGTTAAA AGCGTTGGCA CAATCCACAA TGCGAACTGC CAAAGTACAA	2640
	CAACAAGTGT TTGAAGAAGA AAACAACCAA TACGACTTTT AAAGTATAAA AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT AAATTTGTAA GTGTTTGAGC GTCTTTTCAT ATTAAGTATA TAGCCAATGA	2760
25	ACGACGATAA AGGCAAGTGA TGACAAGCAT ATTGAGGTAA TAATGATTGT CATAAGCGGT	2820
	TTAAGTGCGC GATTTTTAAG ATCTTTAAAT GCAACATTTA ACCCTAAAGC AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC AAATTGTTGA TACAGTATTT AAAATATTTA GCAATGCTGA CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT TCACTAAGGC CATAATGACA AATCCAATTA AAAAGTATGG AATGCTTATT	3000
	CGACCCTTGC TAGATGATTC TGATGAACGG AAACGCATAA TTAAATAAG TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA GTAAGAATAC TCTACCAAGT TTACCAAGAA GTGCAATTTT AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA AGCCACCAGC TAAGACAACG TGTGCAATTT CATGAAGACT AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT AAACATTTGT CGTCATTGAA AAGATAGCGT AGATAGCTGT ATATATAAGT	3240
40	GAAAAATATCG TACCAATCAA TGCGATGATA CCGATACTAA TAGCTGTATC CTTTTACGT	3300
	GATTTGAATA TTGGAGCGAC TGCGGCAATA GCAGCAGCAC CACAAACGCC TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA ATGCGATGTT TTTGTCACCA TGCAACAGTT TGTGACAAA GAGCATCATT	3420
45	ACAATACTGA AAATAACGAC ACCTACATCG ATGGCTAATA GTTTACTACC TTGACCGATA	3480
	ATATCGAATA TATTGAGTTT AAGTCCATAT AGGATGATTG CAAATCTTAA TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG TAATACCTGA GCTATATTGT TCAGGATATC CTCTAAAGTG ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA ATATCGCGAT AGTTAATGCG CCAACCTTAT CTAGGATTGG CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAAGC TAAATAATGC GACTATAAAT GTTAGTGATA GCCCAATCAT AAAATGCTTA	3720

55

	ATTTTAAAT ATAAATTTGG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA	3840
	GGAAACTTGG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCCAAC	3900
5	AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcAAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT	3960
	AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAG	4020
	AATTTGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA	4080
10	CAATGCGTAA CATTAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA	4140
	TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAATTTTA	4200
	GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACCTAGG	4260
15	CAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA	4320
	AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCACT GTGGCATTG GTATGAAGGA	4380
20	ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA	4440
	GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA	4500
	TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGCAGTT	4560
25	AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCCTGAA AGGCTGGGAT TTAGTAGAGA AGGTATGTTA	4620
	CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA	4680
	TCAGAATACG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAAAATGG	4740
30	CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTTGAAAATA AAAGGTGTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA	4800
	ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA	4860
	CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGTAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT	4920
35	AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA	4980
	ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG	5040
40	AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA	5100
	ACAAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTAAA AGGTACAGAA	5160
	AAATTTGTTA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAAGCGTT ATATCCAAAA	5220
45	GTTGATATGT ATTATGAACG CTCTGAACCA GTTGCAAGAG CATTTGGAGA TTTAGATCCT	5280
	AAAATTGATG CACGTCTTGC AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA	5340
	TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA	5400
50	GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT	5460
	ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGGTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT	5520

55

EP 0 786 519 A2

	GTGGAAGGCG CACAAAAAAT TTATGACTTA TTTAAACCTA TTTTAGAGAA AAAAGATAAA	5640
	AAATTAAGTG ATGATATCCA AATGAACTTC GATAAAGTGA ATCAATTATT GGATAAATAT	5700
5	AAAGATAACA ACGGCGGTTA TGAGTCATTT GAAAAAGTAT CGAAGAAAGA CCGTAAAGCA	5760
	TTTGCGGATG CTGTTAATGC ATTAGGAGAG CCACTAAGTA AAATGGCTGT GATTACTGAA	5820
	TGACAAATTA TGAACAAGTT AACGATAGTA CGCAATTTTC AAGACGTACA TTTTGGAAAA	5880
10	TGTTAGGTAT TGGCGGTGCC GGTGTTGCAA TTGGCGCAAG TGGTGTGGT AGCATGTGGT	5940
	CTTTCAAATC AATGTTCAAT ACACCAGAAG ATCCGAAAA AGATGCGTAT GAATTTTATG	6000
	GTAAAGTGCA ACCAGGCATT ACCACACCCA CGCAAAAAAC ATGCAATTTC GTTGCCTTAG	6060
15	ATTTGAAGTC AAAAGATAGA GATGCAATTA AGGCAATGTT TAAAAAGTGG ACGGTTATGG	6120
	CTGATCGTAT GATGGATGGT GATACAGTTG GCAAGCCGAG TAACAATCCT TTAATGCCAC	6180
20	CAGTAGATAC CCGTGAATCG ATAGGATTAG GTGCAAGCAA GTTAACGATT ACCTTTGGGA	6240
	TTAGTAAGTC TTTGATGAAG AAAATTGGGT TATCTAGTAA AATTCCCGAT GCCTTTAAAG	6300
	ATTTACCGCA TTTCCGAAT GATCAGTTAA TAGACGATTA CAGCGATGGT GATATTATGA	6360
25	TTCAAGCATG CTCAAATGAT TCGCAAGTAT CCTTTCATGC GGTTTATAAT TTAGTTCGTC	6420
	CATTTTCGAGA TATTGTAAAG GTACGTTGGG CGCAATCTGG TTTTATCTCT GCTAAAGGTA	6480
	AGGAAACACC TAGAAATTTA ATGGCATTTA AAGATGGAAC AATTAATCCT AGGAAGAATA	6540
30	ATCAACTTAA AGATTATGTG TTTATTGATG ACGGATGGGC GAAACATGGA ACTTATTGCG	6600
	TTGTCAGACG TATTCAAATA CACATTGAAA CGTGGGATCG TACTGCGCTG GAAGACAAG	6660
	AGGCTACATT TGGTCGGAAA CGACATAGTG GTGCACCGTT AACAGGTGGG AAAGAGTTTG	6720
35	ATGAAATTGA CTTAAAAGCG AAAGATAGTC ATGGCGAGTA TATTATTGAT AAAGATGCCC	6780
	ATACGAGGCT AGCGAAAGAA GCAAATACGT CAATTTTACG TAGAGCCTTT AATTATGTGG	6840
	ATGGTACGGA TGACCGCACA GGTAACCTCG AAACAGGCTT ACTTTTTATT GCTTTTCAAA	6900
40	AAGCGACAAA ACAATTTATC GATATACAAA ATAATTTAGG TAGTAATGAT AAATTAAATG	6960
	AATATATTAC ACATAGAGGT TCTGCTTCAT TTTTAGTATT ACCAGGTGTT AGTAAGGGAG	7020
45	GATACCTTGG TGAAACATTA TTTGACTAAA TTTGTAGCAA TGCTAATAAC TGCTGCTATG	7080
	GTGTGTAGCT TTGGGTACT GAAAAGTCAG GCAGCAGAAC AACAAAGTAT TAGTGATGTA	7140
	TATAGTGTGA TAACGGATGC GAAATCTGCA CTTTCTAATA ATTCGATATC GAATGACAAT	7200
50	AAGCAGAAAG CAATTGAGCA AGTGTAAGT GCAGTTAAGA AATTATCGCT TGAAGATAAT	7260
	AGTGAAAGTA ATGCTGTCAA ATCAGATGTG AGAAAGCTTG AAGATGCAAA AGCGAATGAT	7320

55

EP 0 786 519 A2

	GCTAGTAAAG ATGCGGGTTC TAAAATTAAA CTATTGCAAC AGCAAGTCGA TGCTAAAGAT	7440
	GCTGCGATGA CAAAAGCGAT TAAAGATAAA AATAAAGCGG AATTAGAATC TTTGAACAAT	7500
5	AGTTTGAATC AGATTTGGAC AAGTAATGAA ACAGTGATTC GCAATTATGA CGCAAATCAA	7560
	TATGGACAAA TTGAAGTCGC ATTATTACAA CTTAGAATTG CAATTCATAA GTCACCATTA	7620
	GATACGGCAA AAGTGTGACA TGCTTGGACA ACTTTTAAAT CAAATATTGA TCATGTCGAT	7680
10	AAAAAAAGTA ATACGTCTGC AAATGATCAA TACCATGTAT CACAATTAAA TGATGCGTTA	7740
	GAGAAGGCGA TTAAAGCTAT CGACGACAAT CAATTGTCGG ATGCTGcaTg TGCGCTTACA	7800
	CATTTTATAG AAACITGGCC GTATGTTGAA GGTCAAATTC AAACATAAGA CGGTGCTTTG	7860
15	TATACGAAAA TTGAAGATAA AATACCATAT TATCAAAGTG TATTAGACGA ACATAATAAA	7920
	GCACATGTGA AAGATGGTTT AGTAGATTTA AATAACCAAA TTAAAGAGGT TGTGGCCAT	7980
	AGTTATAGCT TCGTCGATGT GATGATTATC TTTTACGTG AAGGGCTAGA AGTGTGTGTA	8040
20	ATTGTAATGA CATTGACTAC CATGACGCGT AATGTAAAAG ATAAGAAAGG GACTGCAAGT	8100
	GTGATTGGTG GTGCAATTGC CGGACTTGTA CTGAGTATTA TCTTAGCAAT TACGTTTGTA	8160
25	GAAACTTTAG GGAATAGTGG CATTCTTCGT GAAAGTATGG AAGCGGGATT AGGTATCGTT	8220
	GCGGTCATAT TAATGTTTAT CGTTGGTGTT TGGATGCACA AACGTTCAAA TGCAAAACGT	8280
	TGGAATGACA TGATTAAAAA TATGTATGCT AATGCGATTA GTAATGGTAA TTTGGTATTG	8340
30	TTAGCGACGA TTGGTTTAAT ATCTGTGTTG CGTGAAGGTG TCGAGGTAT CATTCTCTAT	8400
	ATGGGGATGA TAGGTGAGCT AGCGACCAAA GATTTTATTA TTGGTATTGC TTTAGCTATC	8460
	GTTATTTTAA TCATCTTTGC ATTATTATTT AGATTTATAG TTAAATTAAAT ACCTATTTTC	8520
35	TATATATTTA GAGTGTGTG GATCTTTATT TTTATTATGG GATTCAAAAT GCTTGGCGTA	8580
	AGTATTCAAA AGTTACAATT ATTAGGTGCG ATGCCAAGAC ATGTTATTGA AGGATTCCCA	8640
	ACGATTAAC TGGTTGGGCTT TTATCCAAGT TATGAACCAT TGATAGCACA AGGTGCTTAT	8700
40	ATTATGGTAG TTGCTATCTT AATCTTTAAA TTTAAAAAAT AAAAAACAGG CCGAGTGCCT	8760
	GTTTTTTTGG TTGCTATATT GGAAATATTC GGTATTGCAG TATAACGATA ATCACAGCAT	8820
	TGATTTCGTAT AAGGTTAATG TGTGGCGGT TTGCCTCGGC ATGTGAACTT AACGATGAAC	8880
45	ATACTGAACT CAAAGAGCAA TATGAGTGGC AATGTGAGTA ATATATTTAA TGTAAATCG	8940
	GGTGGTGCAA TGATACTTGC TAATACAAAG CAAGCGAAAT AAATATATTT ACGrTAATGT	9000
50	TTCAATGATG TGGTATCTAT AAGACCGAAT TTTGCAAGAC CCATAAATAA TATTGGTAAT	9060
	TGAAATAGAA GACCAAATGT GAATAACCAA CGTATGAGTT CAATCAAATA TGCTTTAAAG	9120

55

GGAAAGCCAA CATAAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA 9240
 CTATATTTAT AAATAAATTG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCAC 9300
 5 AATTGATAAA 9310

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3458 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

ATTAGTATTA CACACTAATG TAAATAGATT GGTGGAGAA GAGATATTTG CTAATAAGTG 60
 CCTTGCTAAT AATGATGTTT AAATTATGAA TTCAATAAAA AAATTAATTG AAGCTGAGTT 120
 20 ATTAACAACG ACTAATGATT TTGAAGTTAG TATATATAAA AAGACAAGAC CTGAATTACA 180
 AAGTATTTTA AAAAGTTTGT GTATAAAAAC AACAGGTAAT AAACCTGACT TAATTAAACG 240
 TATTGACGAC AATTTTCATA TTATTAATAA CTTAGATTTA CCATATGTAT ATATACCAAT 300
 25 TAAGAAAGGA GAAGAAATTT TAAAGAAAAC AGAGTACTTA ACCTCTTTTA TACAAAGTTA 360
 TGGTGAAATT TCTCTTGAGC GTGCTTATTA TTTGGTTGAA AACTATATAG ATGAAAATTG 420
 30 CGATGATAAA GTTGACAGAA TATACAAGTT TGAATTTCAA AGAAAATATG ACAATGGCGA 480
 GTTTGATTTT AATCATGGAT ATAATTTTCA ATTGAATATG TTGATAGATC ACTATAAAAG 540
 AGATGTAAAA GACTACGATA ATGCCAGAAA GTATTCAAAT ATTTATCTTT ACTTTGGTTT 600
 35 GAGAGATTTT TAAAAAAAT TAATGAGTAA TTATTCATAT TACGATAGTA AAGGGAATAT 660
 AGATTTGAAC GAAATACAAA ACGATCTGAA TAGATTTATC AACTCTAGCG CTTCTGGTAT 720
 GTACGAGCGA TTAATATATA ATGAAAATTT ATCCAATAAT ATTATGTTTG AATTATTTAA 780
 40 AAAGGACACA CAAGATTATA GTGATTTGGA AGAACAATTG ATTGAAAAGT TCATAAACTA 840
 TGTAGTGTCT AATGTAAAAA AAGAAAGTAG GAGTAATACT CTTATAGAGT TATCAAAAAT 900
 TTTAGAGAAC GGATATACAA TTGATAAAGA AGAATTTAAA AAAGAAGATG ATTATCTTTC 960
 45 TAAGTACATA TTTACTGACA TAGATTATTT GAAAAAGTTA GAATCAAAAA TAAACGTTGC 1020
 TATTGATATT CGAAGTGGAG AAATTCATTT GGTATTAGAT GATGATAGCC TTGATATATT 1080
 50 AATACAAAAT CAAAAATACG GCAATGAGTT TTGAGTCATA ACTAAATATA ATATGTTGAA 1140
 GAGAGGTTTT ATTTAAATGG CTAAAATTGG TTATGATCGT GTATCAACGA AAGATTAATA 1200

	AACGTACAGA GCTTGTTAAG TGTTTAGATT ATTTACGAGA GAGCGACACA TTAGTTGTCT	1320
	ATCAACTTGA TCGGTTAGGT AGAACGACAA AACTATTaAT TGAATTaTCA CAATGATTCTG	1380
5	ATGATAACCG AATTGACTTA CAAATTAGTA ACATGAACAT TTCAACGAAA GACACAATGG	1440
	GCAAAATGTT TTTTACGATG ATGAGTGCAT TTTTCaGGAT TAGAAGTTAA TTTACTATGT	1500
10	GAGTGTATAA AATAGACTTA GCAGCAACAA GAGCGAGAGG CCGAAAAAGC GGGCGCCCCT	1560
	CTTTACCAGA GAATAAAAAA TGAGAAATTA AATTTTTTATA TGATGAACAA ACGATAACAG	1620
	GGGAAGAAAT AGCTAGTTAG ACAAGGGTAT GTCACTCAAC TGTTTATCGA GTTGATTAAG	1680
15	AAATGAAAAA ACTTATACTA TGAATTACTG TTTAAAAGTG TGCATGTTAT AATATTTATT	1740
	GAGCAAGTTG GATAGATGGT GGCTAATCTC TTAATAAAGG GGTGATGCCT ATGGTTATAG	1800
	TTGTTACTCC TAGnAAAGGA CTAGCATGTC TGATTTTGAA ATGCTTATGG TTGTATTAAC	1860
20	AATCATTTGGT TTAGTATTGA TTAGTACTCA AGACCATAAA AAATAaCCTT CTATTGCTT	1920
	TGACCGGCAT TTTTGAAGGC TATTTTTTAA TAAATATAA GGTCAACGTC TTTTAAACGG	1980
	GCTCATTAGG GTAACATGTT TCCGAGTGTG GCCCTTTTGT TGTTCaAGA GTTAATGATT	2040
25	TTCATCTTTT GCTTCTACTT GCTACAAATA TATTTTAAAC CATTTTTCTT ATGAATTGTA	2100
	GTTCTGAACA TAATCAGAAT TAATAAAACC AACTTTCCAT ACAGCAGAAA ATACAATTAA	2160
	AAGTATAGAA TGTAATCACG AATTATATAA AAAGTATTGG AGACCTCTTC ATATATAGAT	2220
30	AATTCACCTA GTTATTTTAG AAAGAAGCCC CTAaCAACTA AAGTTGAAAA ATAGAGGAAC	2280
	ACAGTTgGAT TACGCATCAA CTGCATaAGg CCCCTAAmAA CTAAAGTTGT AAGGGGcYCT	2340
35	AAAATTtATT TTGGTTGATT GTCTTCTGGT TTATCTGAAG TCATTGTTTT TGTGTATTA	2400
	TCATTTAATG AATCTTGTGC TTTTCTGTT TTTGTTTCAA CAGATGTTGT CACTTTATCA	2460
	TTTTCTACTT TTGTATTTTT TGGTTCAGTG ACAACTTTTT TATTCTTGTC AGCTGTTTTT	2520
40	ACTTTATCTT TAGTAATTTT TTGACCACGT TTTAAGTAAT ATTGAACGAT ACCCATTAAC	2580
	ATGATTGCAT GAATAACAAC GAATAAAATA ATTGTCATTA CTGTATAAAC TCTTATGATA	2640
	TTTTCTGCAA CACTTTGAGA GAGTGATTGC GTATTAAATG AAATCAAGTA ACCAACAGGT	2700
45	GTTTTAAATA AAATAATAAT TAAGTTTAAT AATAGTATTC CAATGAAAAA TTTGAAAAAT	2760
	GTTTTTTGAC CATTTTTTCAT TGCTTTAAAT CCATTAGCTA AGTGTGTTTT TACTTTATCG	2820
	TTAGTTGATT CaACGAACT AGTCaTAAAG TTGAAAATAG GTATTAAACAA TAACCAAGTA	2880
50	ATAATGCTT TAATCAATAA AACAACAATG ATTATGATGC TTTGAGTTGT AATAGCAATA	2940
	CCAATCAGGT GTGTACTATC TGCATATGAT GATTGTACTG AATTCATAAT CATTTCTGAT	3000

55

ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT 3120
 AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATTCGG 3180
 5 ATAAAAATTT GAACTAAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA 3240
 ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT 3300
 TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT 3360
 10 GCTATAAGTG CATATATCAA TGTTATTAAT AATTGTGGTT TAGCATTTTTT AAATGCTGAT 3420
 TTAAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA 3458

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 695 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:

25 GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC 60
 ACACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAA 120
 TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT 180
 30 ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG 240
 ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCTTTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGACG 300
 ATTGATCCTC AACCATTTGT TCAAATGCTT CACGAACTTG TGGTACTGTC ATACCTACTA 360
 35 CAACTTGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTTGTTGA TGCGTGAAAT 420
 ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTTGACAGT 480
 TAGTAACATC TTTGATATTT TCTTTGCCGC CTAAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT 540
 40 CTTCGTATTC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTT 600
 TGTAATCTTG CTTAGAAAAT AATTTAACTT CCTCTTCTGT TTYCTTACGT CCAGGTAATG 660
 45 GAATATCAAA TTYCAAAATT AAGAATCTGA ATAAG 695

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 875 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACcTAA TGCAAATAAT 60
 5 AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGACTTGTAT TGCTCGCGGA ATTTAAGATA TAATGAAATC 120
 GCATTCAAGA AATTTGATAG TCATTTGCTA TCAATTCAG AAATATATTA TGAATTGCTA 180
 AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG 240
 10 AAGtGCAAGT AATTTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTCCT 300
 GAATTGGTGA TTTATAAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG 360
 TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TGATAGAGG 420
 15 TGCAAAAATT GTGGAATTCG GAGGATGGGC GATGCTGTG CAATTTTCAA GTATTAAAGA 480
 GGAGCATAAT GCTGTTTCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTACTCATA TGGGTGAAAT 540
 20 TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA 600
 TAATTTAACT ACTTCAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT 660
 TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC 720
 25 TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTTG ATGTTGAAGT 780
 ACAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAAG CtAGAGATTT 840
 AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAkGTAAC TGAAA 875

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5897 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

TCTTTTACG AAGGCTACCG TTTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT 60
 AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTTGAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC 120
 45 ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA 180
 TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT 240
 AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTTA GAATTGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT 300
 50 GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAAATT CGACAACACG GTGTGTAAA AGCTGGTTTT 360
 ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT 420

	AGTGTGCTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA	540
	GGTTGTAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT	600
5	CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAATCCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT	660
	CCAATGATTG AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCCTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA	720
10	CTTTTGCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTTAAAATGA AGTTTGGTCA TCGTGGTGCG	780
	AACCATCCAG TTAAAAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA	840
	TATGCAATAG ATATAGATTG GTTAAAAAGT ACTGATTTAG AAGTTACTCA TCTTGCATTA	900
15	AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAAACAT AAAACATTAC CAGCATTTC TGTTCATAC	960
	CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAATATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA	1020
	ATGATGACTA ATTTTAAGGA AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAAACGTA ATGATATCAA	1080
20	AACAAATTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTTGATTA	1140
	TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTTGTA	1200
	TTCAAATCCA GCGACAATCA TGAATGATAA GGAAATTGCG GATAAAGTAT ATATCGAACC	1260
25	GTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC	1320
	AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GCGGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT	1380
	TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA	1440
30	CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT	1500
	TGTAAATACA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT	1560
35	TAGACCGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGCGGTATT TGTCAATATG ATGAAGAATT	1620
	ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA	1680
	ATCTATCGCA GGTTTTAAAG AAATCGAATA CGAGTAATgC GTGaTAAAAA CGATAATGCC	1740
40	ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT	1800
	GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA	1860
	TTAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT	1920
45	CCCCATTCAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCGC GTGTATCACG TTCATCAGCG	1980
	TTAgCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAAATTAG CTGCTAAAAT CGCGGTTGGT	2040
	CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA	2100
50	ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA	2160
	GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAACT	2220
55		

EP 0 786 519 A2

TTACCAAATG GTGAAAGCTT CGATCTTGAT TATATTAAAG AACGTATTTT ACACCAAGAT 2340
 GATGAACGAT TATTTTTCAT CGGCGAACAA TTAGAAGAGG CACAACATTA GAAGAAATTC 2400
 5 ATAATATGAC TCAGATTGAT TACTTCTTCT TACACAAGTT CAAAAACATT ATTGATATTG 2460
 AGCATCAATT AAAAGAGCAT CAAGGTGATT TAGAATATCT TAAATATGCA AAAGATTATG 2520
 GATTTAGTGA TAAAACAATA GCGCATCGCT TTAATATGAC GGAAGAAGAA GTATATCAAT 2580
 10 TCGTATGGA AATGATATT AAACCTGTTT ACAAGATGGT TGATACTTGC GCAGCTGAAT 2640
 TTGAATCTTC AACACCATAT TATTATGGTA CATACGAAAC TGAAAATGAA TCCATAGTTA 2700
 CTGACAAAGA AAAAATCTTA GTATTAGGCT CTGGACCAAT TCGAATCGGC CAAGGTGTAG 2760
 15 AATTTGACTA TGCACAGTT CACGCCGTTT GGGCAATTCA AAAAGCAGGG TACGAAGCGA 2820
 TAATTGTGAA TAACAATCCA GAAACAGTTT CAACAGACTT CTCAATTTCT GACAAATTAT 2880
 20 ACTTTGAACC TTAACTGAA GAAGATGTGA TGAATATCAT TAATTTAGAA AAACCTAAAG 2940
 GTGTCGTTGT ACAATTTGGA GGACAAACAG CGATTAATTT AGCAGACAAA TTGGCTAAAC 3000
 ATGGTGTIAA AATACTTGGT ACTTCACTAG AAAATCTAAA TCGTGCTGAA GATAGAAAAG 3060
 25 AATTTGAAGC ACTATTAAGA AAAATTAACG TGCCACAGCC ACAAGGGAAA ACAGCTACAT 3120
 CACCTGAGGA AGCATTAGCG AATGCTGCAG AAATCGGATA TCCGGTTGTA GTAAGACCTT 3180
 CTTATGTATT AGGTGGTCGC GCAATGGAAA TTGTAGACAA TGACAAAGAG TTAGAAAAC 3240
 30 ATATGACCCA GGCTGTAAAA GCGAGTCCGG AACATCCGGT ACTAGTCGAT AGATATTTAA 3300
 CTGGTAAAGA AATTGAAGTT GATGCGATTG GTGATGGAGA AACGGTCATT ATTCCAGGAA 3360
 TCATGGAACA TATTGAACGT GCTGGTGTGC ATAGTGGTGA CTCAATCGCT GTATATCCAC 3420
 35 CACAACTTT GACAGAAGAC GAGTTAGCAA CACTTGAGGA CTATACTATA AAATTAGCTA 3480
 AAGGTTTAAA CATCATTGGC TTAATCAACA TTCAATTCGT TATAGCTCAC GATGGTGTGT 3540
 40 ATGTTTTAGA AGTAAATCCA CGTTCTAGTA GAACGGTACC ATTCTTAAGT AAAATTACTG 3600
 ATATTCCAAT GGCACAATTA GCTATGCGAG CAATCATTGG GGAAAACTA ACAGATATGG 3660
 GTTATCAAGA AGGGGTTCAA CCATATGCTG AGGGTGTCTT TGTGAAAGCA CCAGTATTTA 3720
 45 GTTTTAATAA ATTGAAAAAT GTTGATATTA CTTTAGGACC TGAAATGAAG TCAACAGGTG 3780
 AAGTGATGGG GAAAGATACT ACATTAGAAA AGGCGTTATT CAAAGGGTTA ACAGGTAGTG 3840
 GCGTTGAAGT TAAAGATCAC GGTACAGTAT TAATGACCGT CAGTGACAAA GATAAAGAGG 3900
 50 AAGTTGTAA ATTGGCACAA CGCTTAAATG AAGTTGGCTA TAAAATTTTA GCAACGCTCTG 3960
 GAAcAGCTAA TAAATTAGCT GAGTATGACA TACCTGCAGA AGTAGTAGGC AAAATTGGTG 4020

55

	TGACTAAAGG TAAAGAAGTA GAAAGGGATG GCTTCCAAAT TAGACGTACT ACAGTTGAAA	4140
	ATGGTATTCC ATGTTTGACA TCTTTAGATA CAGCTAATGC CTTAACGAAT GTAATTGAAA	4200
5	GTATGACATT TACAATGCGT CAAATGTAAA TCAATCAAAC TGTATCGGTG GGGCTGTAAT	4260
	TAACCATTTA CTTAAAGAAG TTTATATTAC AGCCTCATT TTTTAATGAA TTTCTTAATA	4320
10	TAAAGGGAGA CaTATATGAT GAAAGATTTA CCAATTATTG CATTAGATTT TGAATCAAAA	4380
	GAAAAAGTAA ATCAATTTTT AGATTTATTT GATGAATCAT TATTCGTAAA AGTAGGTATG	4440
	GAACTTTTTT ATCAAGAAGG TCCTCAATTA ATTAATGAGA TAAAAGAAAAG AGGCCATGAT	4500
15	GTATTTTTAG ATTTAAAACT GCATGATATT CCTAATACAG TTGGTAAGGC GATGGAAGGA	4560
	CTAGCTAAAT TGAATGTTGA TCTGGTAAAT GTTCATGCTG CTGGTGGCGT AAAAATGATG	4620
	TCTGAGGCCA TTAAAGGATT AAGAAAACAT AATCAAGATA CAAAAATTAT TGCAGTAACA	4680
20	CAGCTTACGT CAACAACAGA AGACATGTTA CGACACGAAC AAAATATACA AACATCGATT	4740
	GAAGAGGCCG TTTTAAATTA TGCCAAGTTA GCAAATGCAG CTGGTTTAGA TGGCGTTGTT	4800
	TGTTACCTC TTGAAAGTCG TATGTTGACT GAAAAGTTAG GTACATCATT TTTAAAAGTA	4860
25	ACACCAGGTA TTAGACCTAA AGGTGCATCT CAAAATGACC AACACCGTAT TACGACCCG	4920
	GAAGAAGCAA GACAGCTTGG TTCGACGCAT ATTGTAGTCG GTAGACCGAT TACACAAAGT	4980
	GACAATCCAG TCGAAAGTTA TCATAAAATT AAAGAAAGTT GGTTAGTATA ATGGCTAAAG	5040
30	AAATTGCAAA ATCATTATTA GATATTGAAG CTGTAACATT ATCACCAAAT GATTTATATA	5100
	CATGGAGTTC AGGTATTAAA TCACCGATTT ACTGTGATAA CCGTGTACG TTAGGTTATC	5160
35	CTTTAGTTTC AGGCGCAATC CGCGATGGTT TAATTAACCTT AATTAAAGAA CACTTTCCTG	5220
	AAGTAGAAGT TATTTCTGGT ACTGCAACAG CTGnTATTCC ACATGCAGCT TTTATTGCTG	5280
	AAAAATTAAA ATTACCAATG AATTATGTTT GTTCATCAAA TAAGAGTCAT GGTAAGCAAA	5340
40	ATCAAATCGA AGGTGCTAAA AGTGAAGGTA AAAAAGTAGT TGTGATAGAA GATTTAATTT	5400
	CGACAGGGGG ATCTTCAGTC ACAGCAGTTG AAGCCTTAAA ACTAGCAGGT GCAGAAGTAT	5460
	TAGGTGTTGT AGCTATCTTT ACTTACGGTT TGAAAAAAGC AGATGATACA TTTAGCAATA	5520
45	TTCAACTACC TTTTACACT TTAAGTGATT ACAATGAATT AATTGAAGTA GCTGAmAmTG	5580
	AAGGTAAAAT TTCTAGTGAA GATATCCAAA CATTAGTTGA ATGGAGAGAC AACTTAGCAT	5640
	AATATAGACA CTAGAAGGAG GAATTCAACA AATGAATGAC AAAACATCTA ATGATTTATA	5700
50	TGGGAAGATA AAACATTGTA ACGAATTTAT CAATCATTTCA AATGATTCCA ATCTATCTAG	5760
	TAGTCACGAT GTCGACGAAA GTTCAACGAA GCAAAAACAT ATAAAAATA AAACAACATAT	5820
55		

TTAAAAACAA AAAAGCT

5897

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7965 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

15	TCATTCTAAA TCAACTTATT TTCCATTGCA TAAATTGCTG CTTGTGTACG ATCGCTAACT	60
	TGTAATTTAC TAAATATATG ACTGACATGT GTTTTAATG TTTTTCAGA TACAAATAAA	120
	GTTTCTGCAA TCTCTTTATT TGTTTACCT TTAACCATTT CACGTAACAC TTCAATTCT	180
20	CTCTTTGACA ACTTATTCGT GTAGTGTGGT TTTTGGCTAA CTGTTTCGAA TACATCTTGT	240
	GCCTTAGGAT GTATCATTTT TTCACCGTTC ATAACCTGTC TAATAGTTTC AATTAATTGC	300
	TGAGGCTCAA CGTCTTTCAT TTCATAACCA TCAGCACCTT TATTGATTGC TGAAATTACA	360
25	TGTTTCATCAT CAACATAACT TGTTAATACC AAAACTTTAA TATCCGATA ATGTGCCTTA	420
	ATATATTCCG TAATTTCAAT ACCATTTCATG CCAGGCATCA CTAAATCTAA TAGCACAATA	480
	TCAGGGTGCT CATGCTCTTT TAAATATTCT AAAAATGTTT CTCCATCTGC AAAGTCTTGT	540
30	AAAACTTCTA TGTTTTCAaT CGTGGaTAAT AAAAATCGCA ATCCTTGtCG CACAATATAA	600
	kGGwCATCTA CTAATATnAC TTTGTTTCATG GGTATCTCC TTAAAtCAAG CTATTTTATA	660
	GGAATTGTGA ATTGTATTG TGTACCCTTT GTTGCGTGAG AATGAAAGGT CACTTTACCT	720
35	CTTAATAATT TAACTCTTTG TTTTATGTTA TTAATACCGT GTGATGAAGC TATCTGAACA	780
	TTATCGATCT CAAATCCTTG ACCATAATCA ATCACGTCAA TATATAGTAT ATCGTTCATT	840
40	TGTTTAAATG TAAGATCCAT TTTATTCGTA TCAGCATGTT TCTTAACATT ATTAATACAC	900
	TCTTGTAATG CTCTGTATAT GTTTTCTTCG ATTTTCATTAG ATAAATCGAT TAAACCTTCT	960
	ACATTTACAT TTAATTGTAT ATGCATTAAAT TTACTATATG CTGTCAAAGC ATGAATTAAA	1020
45	CCTTGCTCAA GTCCAACTGG CTTAAGTnGC CAAATCAATG CACGCATTTT ATTAACGGCA	1080
	TTTGTACTCG TTtCCTCAAT CGTCTTGAAT GCTTGTTTAG CGATGGATTG GTTTGACATG	1140
	CCATACGCAG CATGTGCTtGT TAGTTTTACA GAAAATAACA TTTGATTTAC TGAATCATGT	1200
50	AAATCTCTAG CTAAACGATT ACGTTCATTA ATTTTGGCCG CTCTTTTTTC ACGGTCTGTT	1260
	AAATAAATAC GTTTGATGGC TGACCCTAAT TGAAATGCGA CAGACTCTAG CAACTCTAAA	1320

EP 0 786 519 A2

	TGACCCGATT TAAGTGGTAC CGTTGCATGA TGTGTAATAT TGTCATTTTG GCTAGGAAAT	1440
	GCTTTAGAGG CTAAGTTAAT ACGAGAACAA TTGACGATAT TCGACGCTTT CATTAGCCTA	1500
5	CGTTGATTAA ATGCTTTTCAC ACACCAACAA GACCCATCTT TAATATAGTG ACAGTGGTCT	1560
	GCTGTCAAAG ATTGTGGTAG AGCCACATGT GATACAAGTT CATGTTCCACC TACGCTATTG	1620
10	ATGAAAAATA TCCAGCCTGT CGTGAAATTA CTGCCCTCAA TTAAATATTT TAACGCACCT	1680
	TGGGTCATGC TATACATTTT rGTTTCTTCG TTTAAAAATT CGGCAATCTC TTTTAATAAA	1740
	GCTAGTCGCG TCCTTTGTTC CATCAAATCG CTCCAATTCA TTTTACGTG TATTAECTAT	1800
15	TATACATTGA GTTATTATAT TTTTAAATCT TAGACGTAAA CATGATAAAA TGGCCTTGAT	1860
	TACTCAATAG TTATATTTTCG GAGAACTGAT TTGTGATATG ATATTAAAGA CTATAGGAGG	1920
	ATTTTATGAA ATTTAAAATA CCAGAAACT TTAATGACTT AAGTTTACGA GATATTTTCC	1980
20	AACAACCTAA GGTACCTAAA AAAGATTTAC ATCATTTAAA TATGTCTAAA GATATTACTA	2040
	TTAATGATAA ACCTGCGCGA TTAATGGATA AAGTGCATAC TGGCGACGAT GTATTTGTTC	2100
	CAACCATCGA TGAAAAAAGT AATTATGTTC CAAGTTATCG TTATGCACAA ATTAAATACG	2160
25	AAGACGATGA TATGGCAATC GTAATGAAAC CTAAAGGTGT TAAGACTCAC CCTAATGATT	2220
	TAAAAGAAAG CAATACTTTA ATGAATCATG TGATTTACAC TATTGATAGT GACTATGTCG	2280
	AACCAATTCA TCGACTGGAC CAGGAAACAG TAGGATTATT AATTGTTGCT AAAAATCCTT	2340
30	TAATGAAAAA AATTCTTGAT CGCATGTTAG AAGACAATGA TATTACGGG ATATACAAAG	2400
	CAAATGTTAA GGCACTTTTA CCTTTAAAC CACAAACGAT TGATATGCCA ATTGGTAAAG	2460
35	ATAAATTCCA TTCGAATAAA CGACGTGTGT CTCCTACTGG ACAGCGTGCA ATTACACACA	2520
	TTTTAACTTC AAAAATGATA AAAGAAGCTG TGTGCCmACT TGAAATCAAG TTGGATACTG	2580
	GACGTACTCA TCAAATwCGT GTGCATTTAG CTGAAATTGG TCACCCTGTT ATTGGTGATC	2640
40	CTTTATATGG TGATTCAACG TTAAGACAAT TAGAACTTGA AAGTTACAAA ATAGAGTTTG	2700
	TGcATCCCTT GACTAAGGAA GTCATTTCCG TTTCTTTGGA TGACTAATTT GATTAGTTTT	2760
	GCATGATATT tAAACATGCA ATACCGCATT GTAACATAAT CAAGTATCAA CtTAAAcGGA	2820
45	TAGATGGAAA ATTATTAATT TTTTCAGATG TTCGGTTTTT TTGTTTTTTA CGATGCTTAG	2880
	GATTTTATAT TTTGATATTT TAGTAATTAT TCATTTTATA ACATCCTTGG ATAATGACTT	2940
	GTAGTCTTTT TCAACTGCGT TACGTGTATC TATGGACAAT ACATGACATC ATAAGATTTT	3000
50	TATCACAGGT TGTTTGGCCA ATACATGTAC AACAAATCAT CATATAAAAA ATAGGTTCTA	3060
	TAATAAAACG GACTCCATGA AAAGTTTTTC CTTTTCATGG CTCTATATCA AATCAGACTT	3120
55		

	CCAAACTTTA TTTTATATTA ATATTTAATT AATGAGGATC TACCATATCT TCTGGTTTAA	3240
	TCCATGCTTC AAATTGTTCT TCTGTAACAT ATCCAGTTTG AATTGCAGAT TCTTTTAAAG	3300
5	TTAAACCTTC TTTATGGGCT TTCTTAGCAA TTTGAGCTGC TTTTTCATAA CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC AGTAACTAAC ATTAATGATT GATTTAAATA ATTATCAATA TTCTCTTCGA	3420
10	TTGGTTCAAT GCCCACTGCA CAATTGTTAT TAAATGTTTC CATACCATCA GCTAAAAGAT	3480
	AAATTGATTG TAGTGATTA TGCATAATAA CTGGTTTATA AACATTCAAT TCAAAGTTAC	3540
	CTTGGAAGT TGGCAACCAA CAACTGTATC ATTACCCATT ACTTGGACTG CnACCATTGT	3600
15	TAACATTCA CATTGTGTAG GATTAACTTT ACCAGGCATA ATTGATGAAC CTGGTTCATT	3660
	TTCAGGGATA GAAATTTCTG CCAAACCAGC TCGTGGCCCT GAAGCCAACC ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT TTCATTAAGT CTCCTGCTAA TGCCTTCAAT GTTCCATGCA ATTGAACAAC	3780
20	TTCATCATGC GCTGTAAGTG CGTGGAATTT ATTTTCAGAA GATACAAATG GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA ATATAATGTG CCACTTTATC ACCAAATTCa GGATGCGCAT TAATACCAGT	3900
	ACCAACAGCC GTACCACCGA TGGCAAGATT TAAATGTGC TTCTTAGATT CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA CGGTCAAGCA TATAACGCCA GCCACTAATC TCTTGTCCTA GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT TGTAATGTG TACGACCAAT TTTAATAATT GAATCAAATT TATCTTCTkT	4080
	TTCTTCAAA GTATTTCTTA AAAGTTTAA TGCAGTTCTT AATTTTGTTC CAACCTCTTG	4140
30	ATATAATGCA ACGTGCATAG CAGTTGGGaA TGTATCaTTC GaACTTTGAG ATTyATTTAC	4200
	ATCATCATkT GGGTGGATAC TTTCATCACT TTGATGATCT TTTAAATACA TATTAGCAAC	4260
	ATAACTTACT ACTTCGTTCA CATTCAATTT ACTTTGTGTA CCGCTTCCTG TTTGCCATAC	4320
35	AACTAGTGGG AAGTGTTTAT CTAATTCACC TGATAAAATT TGATCACATG CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC TTTGCCTCGC TTAATTTTCC TAAATCAAAA TTAGCTATTG CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT GCAAAACCAT AAACACTTTC GATTGGCATA CGCTCTTTAC CAACTGGGAA	4500
	ATTACGTTTA CTCTTTCTG TTTGAGCACC CCAATATTTA TCTGCAGGTA CTCTATTTTC	4560
	TCCAAAAGTA TCATGTTCAA TTCTTACTGA CATTCAATTT CTCCCCTTAT CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG TATATCATTa AATAATTTAA TTGAGCAATT TATGATTAAA ACGTTTTCAT	4680
	AATTTGAAAT AAAAATACAC TAATCGCACG TGTTCAACCT TTATTACAGT GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT GTGTTATCTA TCATTATTTA GTTATTATTG AACTAAGTTT AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA GTAGCTTCAA CCGtAGCAAT AGCTGTAAGT ATATATAATA CAGCACTAAC	4860
	AATTGTCGTA TATGGATTTA GAGCAACAAG CGTaCCTAAA ACTCCTGTTA AACTCGCATA	4920

55

	TACAATACCT GATTGATTAC TTTTAATGAA TGTTTGCGCA TTAACATCAT CAATTAATCC	5040
	TTTTGATAAA TTGAGTTGTA ATTTTATTAC TTTGAAAATA ACAGGTAAAT ATAATGCCCC	5100
5	AATTGCCAAT GGAAGGCTT TAATTGATAT TAAACTTATA ATAAGTGTG CTATCAATAA	5160
	TTGAATCCAG TATTTTCCTA ACATAAATAT ATAAATCTCC TCTAATTCA TTCTTCAATA	5220
10	GCAATCATA ATCTTGGCAT ATTAAGAAAC GCGGTTTAAT GATTTCATTA AAAATATTAC	5280
	TGATAGATGA CTCTTTTCAA TTATGTCTGG AGTAATTAAT TATCAATTCC GTTTAAATGG	5340
	TGTTTTAATA TTTAAATTTG AACTTTTGAT ATATTACTAT GTCTGGTACA CAAATCAATG	5400
15	TTTTATGCTT TACAAAGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGC AGTCCACAAC ATAGAGGCTT	5460
	CGGAATGTCA GCTTCTATTT CATGCAAGTT GGTGGAGCTC CAACATAGTG GAATTGGATT	5520
	CCCAATTTCT ACAGACATTG CAAATTGGGG AAACGGGCCA CAACTCAGA AACTGGTGGA	5580
20	AAGTCAGCTT AAAATAACAT GCAAGTTGGC GAGGCCCCAA AATAGTGAGA TCGGATTTCT	5640
	AATTTCTACA GACATTGCAA ATTAGGGAAA CGGGCCACAA ACTCAGAAAG TGGTGGAAAG	5700
	TCAGCTTAAA ATAACATGCA AGTTGGCGGG GCCACAACAT AGAAAAATTG GATCCTCAAT	5760
25	TTCTACAAAC AATGTAAGTT GGGGAAACAG CCCCACACT GAACTAGCA GAAAGTCAGC	5820
	TTCTATGAAT ATAATAAAAA AGCTAGGTAA CAAAATGCTA CCTAACTTCA TATTCAAGAT	5880
	AATCAATCCT ATTTGATATA TGTCTATAC TATACATTAT TTACATGATA AATAACTGAA	5940
30	TATTACACAA TTATAATACT TTACTGACTG TCTTCTTCAG AATTCTTTTC TTGATCATTT	6000
	TGATCAGAGA TTTGTTCCaT TTCTTTACCT AATTCTTTTA AATCTTCAA ATCCGTTACC	6060
	ATACTGTTTT CTCTTCATG ATAATTTAAT TTTGGATCTT TGTCTTTAGA CATAATCAAT	6120
35	ACCTCACAGA TTTTAAATTA AGCAAAGCGT GACGTAAAGT AAGCTTTAAC ATCTTCAGGT	6180
	AAACCTGCAG CCGCTTCTTT ATCAAGAATA ACATTTACCA TTCTATGTGC TTTTAAATCG	6240
40	GCTGGTTCGA AGCTTGTTTT ACCATTTTCT TGATATAATT TTTCAACTAC ATCTCGTTTA	6300
	TTAGCACCTG TCACTACTAA GAAAATTTCT CTGCTTCCA TTAGTCCTTG ACGAATACTA	6360
	ACATTTAACT TACCTTGCTC ATCGATAGAA ACAACTTGTA ATGTTAATTT CCCTTTATTT	6420
45	TCTTTAGTTT TAATCTTATC AGCGATTAAT TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA	6480
	TAAACTTGAC CTGCTGGTAC ACCTAACGCT TCGAAATATG ATTTTTTATC GTCATAATCT	6540
	AAAATATTTA TTTGGCTAAA ATCAACAGCA TGTTTTTCAA CATTTTTCTT TAATTCATCT	6600
50	AGAACTGGCG CTTGATCTGT ATCTAAATGA AAACCTGCAA TTGTAGTAGG ATTATTGTTA	6660
	AATTGCTTTC TAATAATATC AGCAGCATAT TCTGCTACAA GTTGACTATT GTCAAAGACT	6720
55		

GATATTAATA ATTATTATAC CCTAACTTTC AATATATCAA ACCATTTAAC TTAAACATGC 6840
 TTATACTCTA AATATAGCAC TTAAGCATCA TTTTATAAT GAAAATGAGT AAATTTTAAT 6900
 5 TCAATCCCGG TAAATCTTGT TGACGTAACG CTTCATAAAT TAACAACGCA GCAGTATTTG 6960
 ATAAATTTAA TGAACGAATA TGTCACTCA TAGGAATTCT TAACGCTGTG TCTTGATATT 7020
 TCTCTTTCAC CCAGTCTGGT AATCCTGTCG TTTCTTTTCC AAAAAATGAAG TAAAAATCTT 7080
 10 TGTCATGATT TGAAAAATCA AAATCACTAT AAGTCTTTT ACCAAATTTT GTTAATAAGT 7140
 AATACTCGCC ATTTGTGACT TCAAAAAATG CTTCAATACT ATCATGATAC GTAATATTCA 7200
 CAAATTCCTCA ATAATCTAAA CCGGCTCTTT TTAACATTTT ATCATCAGTT CTAAATCCAA 7260
 15 GAGGTTTAAAT TAAATGTAAA TGTGTGTTTG TACCTGCACA CGTACGgCAA TGTTACCAGT 7320
 ATTAGCTGGG ATTTCTGGTT GATATAAAAC GATATGATTT GTCATATTAC TATTCTCTCC 7380
 20 TTGTGTCTAA TCCTTTTATC ATTTCACTCT GAACTTCTGC ATCCTCTTGA TCATAATTAG 7440
 CATTGATAAA ATCTCTTGCT TCTTCCCCAA GAATTTGACC AATGGCCCAA TAAGCAGTTG 7500
 CTCGAATCAA CGGTCTTTCA TCTGTTGTTG CAACTTTTTT CAATTCTGGA ATTGCATCCA 7560
 25 CTTCAITAAA ATGCGCCAAT GCTAAAATAG CATTTGTTG TATCGGCTTT TTACCACGCC 7620
 AAGCACCTGC AAGgTGACCA TATGTTTGTT TGAATTCCTT ATTAGACATA CGTAGtAAAG 7680
 GACTAATCT TGGCTTTAAA ATTTCTGGTT CCAAATGAT GTCATCTTGT TCGGTATTAA 7740
 30 TACCTCTAIT TTTCGGACAA ACTTGTGAC ACGTATCGCA ACCATATAAT CTATTCCCAA 7800
 TTTTATAACG ATATTGGTCA GGCATATAGC CTTTTGTGTT CGTTAAAAAA CTAATGCATT 7860
 TCTGACTATT TAATTGGCCA TTTCCTCACTA ATGCACTTGT TGGACAACGA TCAACACAAA 7920
 35 TTGTACAATG CACCACAGCT ATCTAATAAT GGATCATCAG GTTCC 7965

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1302 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

GCCCTGTTGG AGAAATCACC TTTATACGAT GGTGAAAAA GCATCATTAG GTACAATCGT 60
 50 GGCAATTATA GTTATTTTGC TGTTTTTAAG AACATTTCGT ACGACGGCAA TTTCTATTAT 120
 ATCGATTCCG TTATCACTTC TTATGGCGCT TATTGCTCTG AAATTGAGTG ATGTTTCATT 180

TGTAGTTGTT GAAAATATTT ATCGACGCTT AACAGATTCA GAAGAACAAC TAAAAGGTGA 300
 AAATTTAATT ATCAGTGC GA CAACTGAAGT ATTTAAACCA ATAATGTCAT CGACACTAGT 360
 5 TACTATTATC GTCTTCTTAC CACTTGTGTT TGTATCAGGT TCAGTAGGCG AAATGTTTAG 420
 ACCTTTTGCA TTGGCTATTG CATTTAGTTT ATTAGCATCG TTATTAGTGT CAATTACACT 480
 CGTTCCAGCG TTGGCAGCTA CACTATTTAA AAAAGGCGTT AAACGTCGTA ATAAACAACA 540
 10 TCAAGAAGGA TTAGGTGTTG TTAGTACAAC TTATAAAAAA GTATTACATT GGTCAATAAA 600
 TCATAAGTGG ATTGTAATTA TATTAAGTAC ATTAATTTTG GTTGCAACTA TTGTATTTGG 660
 AGGACCGAGA CTAGGCACTA GCTTTATTTT AGCAGGTGAC GATAAATTTT TAGCTATTAC 720
 15 TTATACACCG AAGCCTGGTG AAACGGAGCA AGCAGTGTG AATCATGCGA AAGATGTTGA 780
 AAAATATTTA AAACAGAAAA AGCATGTAAA AACAATTCAA TACTCAGTTG GCGGTAGTAG 840
 TCCAGTAGAT CCAACGGGTA GTACAAATAG TATGGCAATC ATGGTTGAAT ATGATAATGA 900
 20 CACGCCTAAT TTTGATGTAG AAGCGGATAA GGTATTATAA CATGCAGATG GCTTTAAACA 960
 TCCTGGAGAG TGGAAAAATC AAGATTTAGG AACAGGTGCA GGTAAATAAT CTGTAGAGGT 1020
 25 TACTGTAAAA GGTCCATCAA TGGATGCCAT AAAATCAACT GTAAAAGATA TTGAACAGAA 1080
 AATGAAACAG GTTAAAGGAC TAGCCAATGT CAAATCTGAT TTATCGCAA CATATGATCA 1140
 GTATGAAATT AAAGTCGATC AAAATAAAGC GGCAGAAAAT GGTATTTCTG CAAGTCAACT 1200
 30 TGCAATGCAC TTGAATGAAA ACTTACCAGA AAAAACAGTT ACGACTGTTA AAGAAAATGG 1260
 TAAAACTGTT GATGTTAAAG TCAAACAAAA TAAGCAAACA GC 1302

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 323:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1003 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45 ATATATATTA ATTTAAACGT GTTTCACATG TACCAGTGTT AATGACAGAT AATGCTGCGT 60
 TTAAACCACC TTCAACAAGG TTTTGTACTG CTTTCATCAGA GAAGAAAGCA ATATGTGGTG 120
 TTAATAAAAT TCTTTTCATG TCGATTAAT CTAATAATGT TTTATCGTCA ATGTCTTTAT 180
 50 TAGTCCAGTC ATTTGTGAAG TATGCTGCTT CATTTTCATA AGTATCAATC GCAGCACCTA 240
 ACAAAGTACC ATCGTTCACT GCAGCGATTA AATCAGGTGT ATTGATGACT GCACCACGTG 300

55

GATAGCTTTC TTTGTTGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT 420
 CTTTAACACT ATCTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG 480
 5 CTGTAATTGT AGCACCAAAT CCTGCATATA TtTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG 540
 TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTTCT GCTTGCCAAG 600
 TAAAATCATG TGCTTGTA CA CGGCGTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG 660
 10 CGATAGArAC AGAATACTCT GCAATtGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA 720
 CAATATTGTG TTTTTTAGCT AAATCTAAAT CATACATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG 780
 CAATTTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTTCT AACTTACCAA 840
 ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGAtC GACTGTAGCA CTTGATAATA 900
 GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTtTtTCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT 960
 20 TCTCATAATC ACGCGTaCCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5030 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

GGCTTTTATA GTGTTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTTA AAAATTATCC 60
 35 AAATAACCGT ACTGTTCAAT ATGGTTATAC AGCTGCATTT ATACTTGTTA TATTACAAGT 120
 TATCACAGGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTTCCATGC 180
 ATTATTTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC 240
 40 AGTAAGAAGT GACArGCAAT AACaAAAAAG cmAACCGTAA TTTTAATGGC ACGCCCATTA 300
 AAATTACGGT nTTTTATATC AATATTTAAA AtTAAACCTa AGCCATGTAA AAACGAGATT 360
 ACACGTCAAT TGTTGTGTAA TCTCGTTTTA TnTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTTCA 420
 45 ATTTTCGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTTACAGT TACTTGTTTA 480
 ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATTGTT GTTTCCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC 540
 50 AACGGCTGAT TAGCTTTCAC AGTTTCACCT AACTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT 600
 GGCATTTGAG CACCGATATG ACTTGGATTA CTCTTATCTG CTTTTGGCTT AACGTTGCA 660
 TTTGTATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG 720

EP 0 786 519 A2

	CGTTTACCTT TATCGATTTC GATTTCTACT GTTTCACCAT TACGCATTCC AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT CAAGTAACGA TAAGTTTCCG TATTGATTTC TAGTTTGAAT ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG GATATAGTAC ATAATAATA ATATCTTGCT CCGTAACAGG ACCTTGTTGC	960
	TCTTCTTCAA GCAACTCACG GACTTTTTCA AAATCAACTG GCTCTAGATA TTCACCTGGA	1020
10	CGAGCTGTTA GTGCTTCTTG GCCTTTTAAA ATAACCGCTT GTAAATCTTT ATTAAAACCA	1080
	TTTACAGGTT GTCCTATTTT ACCTTTGAAG AACGACACTA CTGATTCTGG GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT CTGTAATCAC GGATTGTTCA TCAAGATCAT TTTGTACCAT ATAAAGTGCC	1200
15	ATATCACCAA CTACTTTAGA CGATGGTGTT ACTTTTACGA TATCACCAA TAAGAAATTC	1260
	ACTCTGCGAT ACATATCTTT GACTTCATCA AATCTTTCGC CTAAACCTAA ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA AATTGGAATA CTGTCCACCA GGCATTTTCAT GTTGATAAAT TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTGA TATCACTTTC AAAGTCTGAA TAATAAGTAC GTACAGTTGA CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGACT CCATACCTTC AATATCAGTT CTAAGGTGGC GTGGGAAGCC ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG AATTGGCGCT TGGCTGACTT GTTAAACCAC TCATTGAAGC AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT CGACACCAGC ATCTATTGCT TGTTTGTATG TTAATAAACC ATTACCACTT	1620
	GTATCATGAG TGTGAAGATG AATTGGTAAA TCTACAGCTG ATTTTAACTC ACCAATCAAT	1680
30	TCGTAAGCGG CTTTAGGTTT TAATAAGCCT GCCATATCTT TAATCGCTAA AATATGGAAA	1740
	CCTTCACGTT CTAACCTTTT AGCTAGTTTG ACATAATACT CTAAAGTATA AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT TTAAATGTC ACCTGTATAA CAAATAGTAC CTTCTGAGAT TTTGCCCGCT	1860
35	TCTTGACTG CTTTATTGGC AACTTTCATT TGATCTACCC AGTTTAATGA ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT CTATGCCTGC TTTAGCACTT TCTTGACGA ATTTATGAAT AACATTATCA	1980
	GGATAGTTTT TATAACCAAC TGCCTTTGAA GCACGTAACA ACATTTGGAA TAATACATTT	2040
40	GGAATAGCTT TACGTAGACG TTCAAGTCGT TCCCATGGGT TTTCTTCAA GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA ATGTAGCACC GCCCCACATT TCTAGTGAGA AACCATCTTT AAATACGTCC	2160
45	GCTGTTTTGG ATGCGATATT AATCATATCC TTAGTTCTAA CTCGTGTAGC TAATAATGAT	2220
	TGGTGTGCAT CTCTAAAGGT TGTATCTGTT AGTAAGACAT CATCCTGCTT TTAAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC CTTTTGGACC TACTTCATCA AGCAATTGTT TCGTACCACT AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG AAGATACAGT TGGAATTGAT GCTAATTCAT AGTCTGGTTT CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG GGAAACCATT AATTGTTACA TTACCTATAT ATTCTAATGT TTTAGTACCT	2460
55	CTATCTAGAG ACGGCTGAAT GTCGAAAAGT TCTGGTGTTT CTTCAATAAA TTTAGTTGTG	2520

	TTAACACCAC GAATACGCAT TTCTCGTAAT GAGCGTACCA TTTTCTTCTC TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG CGTGTGTAGA TAATTTTACG AGTAATGAAT CATAATAAGG TGATATCTCA	2700
5	GCACCTTGGA AACCATCTCC AGCATCAAGA CGTACACCAA AGCCCCCGCT TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG TTCCAGTATC CGGCATGAAA TCATTTAACG GATCTTCTGT TGTAATACGA	2820
	CATTGGATGG CATAGCCTAA TGTTGTAATA TCTTTTGTGTT GCGGCATATT AATCTCTTCA	2880
10	CCAAATAAAT CGGCACCTGC TGCAACTAAA ATTTGTGTCT TAACAATATC AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG TAATTGTATG CTCTACTTGT ACACGAGGGT TAACTTCTAT AAAGAAGAAT	3000
	TCGTCACCAG AACTAGAAA TTCAACAGTA CCTGCATTGA CATATTTAAT ATTTTCCATC	3060
15	AATTGAATTG CAGCATCACA AATACGTTGA CGTAATGTTG ATGATAATCC AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA CAACTTTTTG ATGACGACGT TGTACTGAAC AATCACGTTT AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT CATGTTGCTC ACCTATGACT TGTACTTCAA TATGCTTTGG ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA TGTAACCTT ACTATTACCA AATGATTTTT CAGCTTCTGA TTTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT CTTCTAATTC ACTTTCTTCA CGAACGATTC TCATACCTTT ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG CTTTAATCAT TAGCGGGAAA CCAGCTTCTT CTGCAAATTC TTTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT TAATTGGACC GTCTGTACCA GGAATAACTG GTAAATCTGC CTTGATAGCC	3480
	GTTGTACGAG CTTTAACTTT ATCTCCAAAC ATATCTAAAT GTTCTAAATG AGGACCAATA	3540
30	AATTTAATTC CTTCTTCTGC ACAACGACGC GCAAATTGTT CATTTTCACT TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT GAATCGCATC CACATTGCTT TGTTTTGCTA CATCAATGAT ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC TTTCAGCAGG ACCTAAATCA CTTCCAACTA AATAGGATTC ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA ATGAACTTTT GTCTTCATTC GAATAAATTG CAACTGTGCT GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG CTCTGAATAT ACGAATTGCA ATTTCTCCAC GGTTAGCAAC AAGTAACTTT	3840
40	TTTATTTGTT TCAATAGCGA TACACTCCTC AACTATTAG AATTTTCTAA CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT TATCTTAAAG CGCTCTGTTT TGCTATAGTt mTGTTTCmAA TTTTCAAAaT	3960
	TtAcATyCT tGAGACAATT AAAaCCyCCG CTTmGaAAT AATAATTTCa AAAATGACTA	4020
45	TGCAACAACA GGTAGTTCCA CGTTTTTGTG GTGAAACATT TTCGATTTCT ACAACTCTAA	4080
	AAAATTAAAA ATAAAATTGC AAAACATCAA CATTTATTAT CAATAGCGAT AACTTTATCT	4140
50	TATCATCATG ATTCTAATTT CGCCACCACA TTTAGTAATT TTTAGTCATA AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC GTTGTTTTGT TTATAAAATT TGATAATCak GAGTAATCtC GTAATATCAA	4260
	AACaAAAAGG AAGTTAAGCG TTGTTTGGTT GcCTAACTTC CGTTATTGAA CTCATCcAGT	4320

55

TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT 4440
 TGTGTGTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTTGTT TACCTACAAT CAGAAGTAAA 4500
 5 CCCATAGCAA TACTTAAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC 4560
 ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTTCCA 4620
 AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAAT ATGATGATGT TTTATTTGCA 4680
 10 AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT 4740
 AAACCTAATT CTTGCGAAAT AATTGCAAAA ATAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG 4800
 CCCAATTTCA TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA 4860
 15 AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTGCA ATTGGAATGG ATCTGTTAGC 4920
 GTACTAAATC TGGCAGTTAA ATAACCTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT 4980
 20 ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAAATCTTA GGACTTTGTT 5030

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1389 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

CTTGTTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA 60
 35 ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTCGAAAGT 120
 TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTGaACTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT 180
 TTGCATATTA TAGATCAAAT GAACGGTaTC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA 240
 40 ACAGATAAAG AAGTGGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC 300
 AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT 360
 AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA 420
 45 AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA 480
 ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTTAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT 540
 50 ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT 600
 GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA 660
 AACCGGCATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGTAATA TTATTTGCGA 720

ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAAG 840
 CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTCGACGCG AAGATGAGCG 900
 5 AATTAGCTGG AATAAACCCAG GAAGACAAGT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG 960
 GCCAGTTGCT TATACAACTA TGGATGACAC TAACTTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT 1020
 TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT 1080
 10 TGTTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA 1140
 GAGAATGTTA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TCGCGAAAAAC AACTAGTAG GGAAGAACT 1200
 TATATGATAG AAAACGTGAG AAGTCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAATGAA 1260
 15 GGTGCGTATA GTAACCTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG 1320
 GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT 1380
 20 TTTTATTTA 1389

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 2746 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT 60
 35 AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACAACAATT TGCTGGTTAT 120
 GCTAAAGCAT TAGATAACA AAGTAATGCA AAAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAaCTT 180
 TTaAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAAG 240
 40 ACGGTAAAAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAAA TAAAGATGAT TAAACAAAT 300
 CAAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCAAACCTT CATCGCTAAA GATTTAGACC 360
 AAATTAAAGA TAAAnATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TGraAAAGGG kTTTATTTTG 420
 45 aAGAAGATGG cmAAGTTAGA TTAGTAAAAG CTACGCCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGAnA 480
 AAGAAAGTGC TAAAACAGTT TCAGCAAAAT TGAaACAAGA GTTaAAAAAT ACAGTAACAC 540
 50 CTACTAAAGT TGAAGAAAAC GAaGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAAATACAT 600
 TAAAAAACTT CAAAATTWGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTcAGTA 660
 TGGCAGCATT ATTAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC 720

55

	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCACAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GGCGTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACmAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAACCTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAaTTATCAA	1020
10	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTTAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTTCACCTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCTTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC ATCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
30	GACTTAATAT CATATTCAAA ATAACCTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
	CACGTTTTTC TTAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTTGTAAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTTGGTG AGTGTTCAT AATCTCTTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTGTGTC ATTGTATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCAAA AATAGCATTA TCAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
45	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTTGGA ATAATACGAA	2220
	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAACCGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTTCAG	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAGGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTCAT CATATTCTCT AAGTGTTTCC CATTGTCTGT	2520

TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640
 TTTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700
 5 GTTGGTACTT TAATTTCTnT CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTTG 2746

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 900 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CCAAAATTGA 60
 20 AGTTTGAATT TAAAAGCAT CTTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTTCAAA GAAATTCATT 120
 TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTTATAGTG TGTAGTATAT 180
 GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240
 25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300
 ATATTCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTG AACACAAAGG 360
 TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420
 30 ATTGGAAAAT GGAAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480
 ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540
 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAACTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600
 ATTGAAAGAA AAATTAAAC AGCCAAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAAA ATGAATTAGG 660
 ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGGCGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720
 40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780
 AGTTACATTA TGTATGGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840
 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGaCTCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3642 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATCTGAnTnG AGATAGTGAT AATGTGTCAC CcAATTTTaA AcCtTTATTT TTaAGcGtTT	60
	CaTCaGCTAA CaCtTCaTTa TcTTAGtCG cTTTATGcCC tTcTATTAAA CtCGGaActA	120
5	AAAATGaTGa CtTTTCAACa CCGAACaCTA AAACaTTGtC tTTTTGATGG CCaTTAGACA	180
	CAATTTCCCC TGTtTGCTTC AAAGTAGCTT GCTTCTTGTA TTTATTTTCA ATATCTTTCT	240
	TGTTAAAAAC AGATTGTTGC ACAGTTTGAT TGGCATCTTT ATTTAGAACA ATGGCATCTG	300
10	CTTGCCACTT ATCAATGCCT TCTTTATTCA TATTGATAAG ACCATTGCGC AATCCAGATA	360
	ATAAAAATAG CAAGTAACTA ATCATCGTTA ACACACCAAT AATTAGTCCA AACTTCAATT	420
15	TGTTGCGCCG TATTTcATTc CAAGCTAAAA ACATGCATTT CTCTCCCTAC TACTATGATT	480
	TAAACATTGT TTATATTCTT AGATGCACGT ACGTCGTGTT GCGCTCTGTA ATGTTATACA	540
	TACACTTATC CTTCATTATA CCCGAACTTT TTATATTAAA AGCAAATTTA TGGAAAATGC	600
20	AATTAATTGT CTATTATTTT TGTACGGTAC ATTTAAAATT AAGGATCAAT TTAAAAACGC	660
	CTACATATAC CTTTAAGTAC ATGTAGACGT CCAATTCATA TATTATTAA CTTCGCCTGT	720
	TTTAGGATCG AATTGCTTAA TAGCATTTTT ACGTAATTTA TCTTTTGCTT TtTCACTTGC	780
25	TTTATAGTTA TTGTTGTAAG TCGTAGCTTC CCAACTACCA TACATTGGGT TAGGGAAAAT	840
	GATATATTTTc TTACCGAAAT CGTCTTTATG TTTTTCaATT AATGCTTCAC GAGATTcAGC	900
30	TGTAGCTTCT TTTGGATCTG TAAAGTCTAA TAAATTATCT CCAAATAGCA TGACAAGTTT	960
	ATGATCCTTT TGAACCATTG GTCTGCGTGA TTCTTTACTC TTATCATCTT TACCTTTTAG	1020
	TAAAATATGA CTCTTCTTAG CTTGAGGGAT ACCTTGTTGT TTTAAGTTCT TTTGTGTTGC	1080
35	CTTTAAATCT TTTTCTTTAT CTCTATCAGA AATATAGTAG ATATCGACAC CTTTTTTGTC	1140
	AGCATATTTTc AAGAATTCTT TTGCGCCATA GACAGGTTTA GCTTTAGCAG cTTGTACCCA	1200
	TTCATGCCAA CCTTCTGGGA AAGGTTTATT ATGTATTGAT GCATAGCCTT GATATGGAGA	1260
40	ATTATCTAAA ACTGTTTCAT CTAAATCCAA AGCAATAGCT AACTTATGTT TACCTTTATT	1320
	CTTTTAAATC TCTTTATCTA ACTGTGTCTT TGCACTGTTA TAACCTTGTA AATATAATGC	1380
45	TTTTGCTTCA GCTGAATTTT GATACCAAGC CACTGCCATA ATATTTTGAT TACCAAGATT	1440
	CGCCTTTTGT GATGCTGGTA TAGAAGCTTG TTGCGTTTGT TGAACCTCAG CAGAACTTTT	1500
	GGCAAACGCT GTAGAATTTG TCGTTTGTGG TGCTGAAACT GTAACCGCTA CCGATAATGA	1560
50	TGCTATTGCA ATATACTTTG AAATTTTATT CATCTTATCA CCTCATGATT AATATTTAAA	1620
	ATACAGTTAA AATTATAAAT GCATTTATTT AATATTGCTA TACTATGAAA AGATATTTAA	1680
55	TATTATTTCT TGgAAAAGCT AACAAATATG TGAACATTTc ATATAAGCAT GATTTAATGG	1740

	GTGACTAGGC	CTTCCTATCA	GACATATTCA	CTCATCCACG	TATCATTATG	TGTACAGTGT	1860
	GCTATCTCTT	ATTTACCTAT	TGGAACAACC	ATAAACTCAT	CCATAGTTTA	CCTTTTATAA	1920
5	ATAGCAGTCC	TCACTCATAC	AATTTCTCAT	AAAAATCACA	ACGCTCCAAC	GTATTTCCAA	1980
	CTTACTTTCA	CCTATTTTAA	TTCATAAAAA	CGACACTTTA	ATTGTCATTA	TCCAATAATA	2040
	GCAAGACGTT	ATTATTGCAA	TCTTTTTTAT	AAAATAATAG	AATCATAGTA	TTGTCATTTA	2100
10	AAGATAAAGT	AAGAACGTTT	TTATTTTTCA	GATTTTTTAA	ATTATTATGA	ATATCTAGTT	2160
	TTAGGAAGGA	AATTACATTG	AAAAACAAG	TTATTATTTT	GGGCCTCATG	TTATTTTCAC	2220
15	TATTTTTTGG	AGCCGGAAAT	TTAATATTCC	CGCCCATGCT	TGGCCATACA	GCGGGTCAAA	2280
	ATATGTGGAT	TGGTATGCTA	GGCTTTGCC	TTACAGGCAT	AThACTCCCC	TTTATTACTG	2340
	TTATTGTTGT	TGCATTTTAT	GATGAAGGTG	TTGAAAGTGT	AGGCAATCGT	ATACATCCAT	2400
20	GGTTCGGGTT	TATTTTTGCT	GTCGTGATTT	ACATGTCTAT	CGGAGCATTT	TACGGTATTC	2460
	CACGTGCTGC	AAATGTCGCG	TACGAAATTG	GTACAAGACA	CATTTTACCT	GTGCATAACC	2520
	AATGGACTTT	AATTATATTC	GCAGCAATCT	TTTTTGCCAT	CGTTTACTGG	ATTAGTTTAA	2580
25	ATCCATCGAA	AATCGTTGAT	AATTTAGGTA	AATTATTAAC	ACCGTTATTA	CTATTAATGG	2640
	TCGCTCTATT	AAGTATTGCT	GTCATTTTCA	ACCCTGAATC	TGCACTAAGT	GCACCTAAGG	2700
30	ATAAATATAT	AACACATCCT	TTCAATTCAG	GAAGTTTGGA	AGGCTATTTT	ACAATGGATC	2760
	TTGTTGCTGC	GTTAGCTTTT	TCCGTAGTCA	TTGTCAATGG	CTATAAGTTT	AAAGGCCTCA	2820
	CAGATCGCAT	GAAAATTTTA	AAATATGTCT	GCTTTTCAGG	TCTTATTGCA	GCCATATTAC	2880
35	TTGGAATGAT	TTACTTTGCA	CTTGCAACG	TTGGGGCATC	AACAGCTCCA	GGAAACTTTA	2940
	AAGATGGTAC	AGATATATTG	ACGTACAAC	CATTACGATT	ATTTGGTTTC	TTCCGGTAACC	3000
	TCGTATTTGG	AATGACGGTT	ATCCTTGCA	GCCTAACAAC	ATGTATAGGA	CTCGTcAATG	3060
40	tTGCGCCACA	TTTACTAAGA	AACACGTACC	TAAGTTTCT	TATAAAATAT	TCGCACTTAT	3120
	TTTctCTATC	ATAGGGTTCT	TATTTACAAC	ACTTGGTTTA	GAAATGATTT	TAAAAATTGC	3180
	TGTCCCATTA	TTGACTTTAA	TATATCCCGT	GTCGATTGCA	CTTGACTCA	TATCATTTGC	3240
45	TAACATGTTT	AGCACATTCA	GATTCAGTTG	GGCCTATCGA	CTCGCAACTG	TTATTACATT	3300
	GATTATTTCA	ATTTTACAAA	TACTAAATAG	TTTCAACTTA	TTACACGGTG	TTATTTTGAA	3360
50	ATCGTTTATG	ATGTTACCTT	TAGCAGATAT	CGATTTAGCT	TGGCTTGATC	CATTCATGCT	3420
	CTTTGCTATT	ATCGGTTTCA	TAATCGATGT	ATTTATACGC	CGTCCGAAAC	AAGCGACAAC	3480
55	TTAATAAATG	CTCACTGCCT	AGTAATGATT	GACCCATCGT	TACTAgGCTT	TTtctATATGA	3540

TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

5

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2187 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15

TTATTGATAT TGAAAATTCA AAAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
ATCAAACTGA CACTCATTTT GAACAGTATA AGAAATTTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20 AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTCCTTG TACAACAAAT	300
ATGGTAGCCC CCTACCATTA ATGCATTTAT ATAAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25 ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCTTAT	420
TATTCATAAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTC ATTTTCCATA	480
30 ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAAACGG AGCTTGCACT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35 CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
TACTAACAGT CCTCTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
TGATTTGTAA TGAGTAACTC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40 AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAA _n CCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GGTCAAAGAA	960
45 ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
TTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50 AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
ATCGATTTAT AACACAAAGT GTATATAGGA AATAACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
TGTTAAATAC TTAAATAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

55

TTTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTTGCAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT 1440
 AACAGAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTTTGGT 1500
 5 CTTGGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTTA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG 1560
 ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA 1620
 AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA 1680
 10 GATGTTAAAG TTAAAAAAGG TGATTTTGTA ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA 1740
 ATTGTTAAAG TTAAAAAAGT TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAATT 1800
 15 CATGACATGG GCAAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT 1860
 GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAAGCAGC GGTAAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATTT 1920
 TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTTCGCC 1980
 20 TgcgCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTTCGCC 2040
 TGcgCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTTCGC 2100
 CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACAACCTGA GGTCACTACG CTTCCGTTTCG 2160
 25 CCTGCGCTTT AncATGGCCA TAAAAGC 2187

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1788 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

CCnCCTTTTT AAACCTGGnG AAATGtmCAG tTTTGATGGt ATTGGGtTCT TTAGTATTAT 60
 40 GCTTAAGATA GAGTGTAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT 120
 CTTTTTCGTC ATATTTCACT TTAAATAAAA TGA CTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA 180
 TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTCACTAA AGTAACTCCT AAAATGTGGT 240
 45 GGAAATGAA AAAATTTTTA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC 300
 ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC 360
 50 AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTA CTAACAT TAACAAAATC 420
 GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAAA CACCTTTTTA TACAGGACGC 480
 ACTGTAATTT CATyyACGTT AACGTGCTTT GGTTGTGTTA ATGCATATAA TACTGCTTCT 540

55

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAACTGCT GCTTTCGTCG CACTATAAAT CGTACTACTT 720
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840
 10 ATACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTTGTGTG CAATTTTTAT CAATTCATCG 960
 ACTTCTTCTT TATTCGTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACCTT TGCCCCCTTCT 1080
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTTG ATTCTTTTTA TTTTTTCAGG 1200
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCATATA ACGGTCATAA 1260
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTCGAAACA TACAATTAAT 1320
 CGTTGCTTAT ATTTTTTATT TTTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACCTTCT TATTGTAAAA 1380
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAAGA 1500
 30 ACCGCAITTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTGACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620
 TAAGAATGCC CTTCTCAAGT GTCCATGACG CCCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGTATATT 1680
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGGAAGGATT CTAATATCAT 1740
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GTnAATCC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1341 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

50 TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TTAACAACAA TGGGTCTTAA 60
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120
 ATTTGCGAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180
 55

GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAACT AACCAAAAGA TAAAAAAGAG TATTGATTTT 300
 TTAATTAGAA AAGTGTTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA 360
 5 AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCAGGATA TCAAGGAGGT 420
 GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTAAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC 480
 GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT 540
 10 CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GACTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT 600
 CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT 660
 15 ACTTAAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAAGG TTCAGGCGAA CCAAACAAAA CTAAAGTTGC 720
 TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC 780
 TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TCGGTATTAT CGAAGGTA CTGACGTAGTA TGGGTATCGT 840
 20 TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTG ATTACATGAT TTAAACGATG AAGCAGATAA 900
 CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAT GATTGATTTA 960
 TTCATAAGAT TAATTCCTTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA 1020
 25 GGAAATTCCG CTAAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA 1080
 TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTGAAG AAGCAATTAA 1140
 30 ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT 1200
 AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG 1260
 AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA 1320
 35 AGCAGCAGGT GCTGACTATG T 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5136 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATTCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC 60
 50 ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTCACCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TkACTTCATC 120
 ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTGCTTC 180
 55 ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTCTTTTAA CATCTGCACC 240

EP 0 786 519 A2

	CTTAATCTTC TGATTGCTT TkTCTTTGCGC TTCCTCTATT AGAGACTTTT CATAATTTTG	360
	GAATTGTTGA TACTGCTTAG ATAAATCATC ATGCACTTGT CCGCKtskTT TACAAGACGG	420
5	TCCAGkTCTA ACCTCTGTGT CTCTACACGT TTGTAATTAC GCTCTAATGA TTCAATCATT	480
	TCATTATTTT CTTTTTCATC AGTACCAATC ATCGTCTTAG CTTATTAAT AATATTCAAA	540
	CTAAGACCTA ACTTTTTAGA AATGTCAAAA GCATTTGAAC GACCCGGCAC ACCCATTAAT	600
10	AACTTATACG TTGGACTCAA AGTATCTACA TCAAATTCTA CACTCGCATT CATAACGCCT	660
	TCTCGATTAT AACTATATGC TTTAAGTTCA GGATAGTGCG TCGTTGCCAT TACTAGAGAA	720
	CCAATTTTTT TAACATGATC TAAATGCTC ATTGCTAATG CAGCACCTTC ACTCGGATCT	780
	GTACCTGCAC CTAATTCATC AAATAAACT AAACATATGTT TGTCTGCATG CTTTAAAATT	840
	TCAACTATAT TCGTCATATG AGATGAAAAA GTTGATAATG ATTGTTCTAT TGATTGTTCA	900
20	TCTCCGATAT CGCAATATAC ATTTTTAAAT AACTTAACT GACTACCATC AAGTGTGGGA	960
	ATCAACAATC CTGATTGAGC CATAACAATA ATTAAACCTA ATGTTTTTAA TGTTACAGTT	1020
	TTACCACCTG TATTCGGTCC TGTAATAATT ACCGTTTCAA TATCTTCCAT AAATTCGATG	1080
25	GTATTAGCTA CAACAGTCTC ACGATTAAAT AATGGATGGT ATGCTTTAGG TAAATATACA	1140
	GTACGGTCCT CTTTAAATAT CGGCTTTGTT CCTTTAATAC TTCTACTATA TCTCGCTTTT	1200
	GCGATTAAAA AATCTAACTG ACCCATGACT TGTCTGCCA CAAGTAGTGC ATCTTTGTCC	1260
30	GCAGCCACAT AACCAGTTAG TTGCGTAAA ATGCGTTCTT TTTCAATTGC TTCGTCATGA	1320
	CGTAATCGAC TAATTGATT ATTCATTCA ACAACTGATG ATGGCTCAAT ATACAATGTT	1380
35	TGTCTGAAG CAGATTGATC ATGTACAATC CCATTAAAAT CTTGTCGATA TTCAGCTTG	1440
	ACAGGTATAA CGTTCTTTC ATTCCTAACT GTTACAATAG CATCTGATAA TTTTTCTGA	1500
	TTTGCTGGC TTTTAACAAT ACGGTCCAAA TTTGTCTAA TACGTTGATT CGTGCTAGAA	1560
40	ATTTTACTTC TAATCCCTTG CAATTCATAA CTCGCATTAT CATATAAATC ATACGTATCG	1620
	CATGTTTCAT TTATTGTTG AAAAAGATCA GTTAACACAG GTAATTGATT CATCTTGTC	1680
	TCTAATATTG GGTATTTAAC ACCTTCATCT TCTTCAACCA ATTGATTATA AAATGTCTTG	1740
45	AATTGATTTT GACTTGAAT TAATCTTTT ATCAAGTTAA GCTCTGATAC ATTTAAAACG	1800
	CCGCCAATAT CAGCGCATG AATGAATGCT GATACTTTAG ATAAGCCACT CAAGCTTGGT	1860
50	AAACGATGCT TATTATAGAT TTGAGCAATC TCATCCGTTT CTTCCATTG AAAACAACC	1920
	GTTTCAAAAT TAGTAGCTGG CATCATTTGA TTGACCTTTT CCAAGCCTAA GTCACATAA	1980
	GTTTCATTGG CAACGAGTGA TTTTATTTT TCAAATTCTA AGACGTCTAA TGTTTTTTGT	2040

55

	TCACGCGATA ATGCGTTAAT CACTCTATCT TTTGtACAA ATCCTTTTTG CGCAGTTGtA	2160
	CGCCATAATT CATAAAATCT AAATGATTTG TATGATGCGC ATCAGTGTTA ATAGTTAATT	2220
5	TCACATTTGG ATATTTACGA ACGATATCAG CGCTCAGATC CAGTCGATGT GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA TACTGTATTC GTTTCTTCAG CTAATGCCAT TAATTGTTCA ATATTCGGTT	2340
10	TATAACCATC TCTTCTACCT ATAATACGCC CTGTTGGATG CGCTATATGT CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA TGCATTAGCT AATCGTTCCA TAATTTGTTT TTCTGATTGG TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC TCCAATTACA TAATCAAGTT GTGCTAAAAT TTCATCATCA TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG TAATATATCC ATTTCTGTAC CTGAATAAAT ATCAATTTCA CTATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC CTTAATTTCT TCGTTTTGTC TTAAAAGTCT TTCTACTTGT AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA ACTTTGTGAA TGATCAGTAA TTACCATGAA TTTATAACCT TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC CATGTCTCGA ATAGAAAACG CACCATCACT ATACGTTGTA TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT AATATCATCT ATTGTAATGA TATTACTTAG ATCTTTATCA AATTCGCTAC	2820
25	CATCTTCTCG CATAGCAGGT GGTATAAAAT TCACATTAAA ATGTTTCATAT ATCTTGGCTT	2880
	CACTATCATA TTGAATTAAT GTACCATCAG CTGTGTTCAAT TCCATATTCA CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC TTTAGCAAGT TGTCGAATTC TTATATTATG TTCTTTTGAC CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT ATGATAAAAA GCACTTGGTT CAATTAATCG AAAATCGACA CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA CGCTAATTCT AATGAACTT TTGTGTTCCC CACTGCAACT TCTTTTACTT	3120
	TATTGGGAAT ATTTAATAAT TGCTGCTGCA CTGCTTTTGG GTTATCGGTA CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC TTTGCTCATT TCTTTAAAAC GACGGAAGCT TCCTGCAGAT GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT TAATGTATCT ATATAATCAA TGATTTCTTG ATTAAGTCTT CTCATTTGAT	3300
	CAATTGGATA TCTATCTTTC TTAGCACCAA GTTGTTTCAC AGCTTCTAAT ATGTTTTGTT	3360
40	CCGTTTTTCTT AGCAAATCCG CTTAATTCAC TAACTTTTCC ATTTTCACAA GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT ATCAACAATA TTCAACTCTT TATATAGCTT AGCAATTTTC TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT TTTCAAAAGT GGAATAAGAC CTTCGGAAC TTCTTCCTGT AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA TTCACCGGTC TCACGGTAAT CATTGATTAC TTCTGCAACA CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA CTCCGTtACA TCAGATATTT CATCTAATGG TCGTTCATCT AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC TTTTCGaTAC GCTGaTATTT TAAAAGTATT TTCCCTTTT AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT TTGTTCTAAT AGTTTGATAA CATCTTTTTT TGTCATAATA AACTCCATA	3780
55	AAAAGAAGAC CAGGACGTAT CATTAATATA TACCTTTGTC CTGACCTCTT ATGATAATTT	3840

EP 0 786 519 A2

	TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG	3960
	TAAAGTGTA GACAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCCCATT GCACGACTGA	4020
5	AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA	4080
	TGAACTTACA AAACAATGTA ATCATTAAAA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA	4140
10	GATGATTAAA ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTTAGGA TATGGAATAA	4200
	ATACAATTAA TCTTTCTACA ATAGATTTGT AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA	4260
	nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA	4320
15	AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA	4380
	ATTTGTGAAT TTGTTGTTTC AAACGTCGAT TTTTTTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC	4440
	ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC	4500
20	CCTAATTCTT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTTA	4560
	TCTTCCCCAA CAATTGTAAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTACCTT GTTTTTAAAC	4620
25	TGTGTCATTT ATAATTTCTC CTGATCCTTT TTTTAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA	4680
	TGACTGGATA GTTTGTCTGA ATTTGATACT AATATTGTTA TATTGCAATT ATGATAAAAC	4740
	AACAACACAA TCTCTATAGA TGACTIONTAT TTCTTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT	4800
30	TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGTCAC TAACATTTTC ATAAACATTA	4860
	TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTTACAAC ATACATAAAT	4920
	GTTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTGT CTAAAGACAA TGAAATTTTA	4980
35	TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA	5040
	CATTAATGTC ACGCATTTCT TTTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG	5100
40	CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT	5136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCTTTGA ACAAATCTAT TTAAACGCA CATTCCCATT	60
ATGACAAAATT AAATGTGAGT nACATTTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAAAC	120

EP 0 786 519 A2

	GGTATCTTTC AAAGATAAAA TCCTAATAAT TTCTTAGTAA ACTCTTTTCT CTAGATTTAT	240
	CACAATATTA TATAGACCTA TTTTATTTTG ACGTAAGTTG CTAGTATCTT CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA AAATTCATAC CTTTATGCTA TCGCTGTAGG CTCATTAACT TGTTACATAT	360
	AATTCTTAAC TATCCTTTGA TGATTGTTTT ATTAGATTGT TTCGTTGATG GATACTTTCA	420
10	CGAATTTCTA TAGTTCAATG CTAATAAAAA AACAGCCCCA AACTTTAATT TGTTTTGGAC	480
	TGTTTTATAA TTATGCTTGC GATGGTGTTC TAGTTTCTGA AGTTTGTTC GCAATGTCAT	540
	ATTTAACTC TTTACCATCA TGATCTACTG TAACTTTCTT ACCTTCAATT TGATTACCAT	600
15	CTAATATTAA TTCACTTAAA TTATCTTCGA TAGTTTTTTG TATCGCTCTA ATTAATGGTC	660
	TTGCACCATA TTCTGGATCA TATCCTTCTT CTGCGATTTT GTCTTTCGCT TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT TATGTTTTGT TCAGATAATC GATTTGTAA TTTATTAACC ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT TAATTCCTTCT TTTGTTAGTT TATGGAATAC AATGATATCA TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC TGGACGGAAT GAATTTTTTA ATTCTTTTAA CATCGTTTTT CGAATTGTTT	900
	CATAATCTTG TCCATCACTT GAACCACCGA ATCCAGCAA TCGTTGATCT TGTAATTCCT	960
25	GTGCCCCAAC GTTTGATGTC ATTATGATAA TTGTATTTCT GAAATCAACT GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT CAAATGTCCA TCATCTAAAA CTGTGAATAG AATATTAAAT ACATCTGGAT	1080
30	GAGCTTTTTT AATTTTCATCA AATAAAATTA CAGAATATGG TTTACGTCTA ACTTTTTTCA	1140
	TTAATTGTCC ACCATCATCA TGACCAACAT ATCCTGGAGG AGCACCAACT AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTT TTCCATAAAT TCACTCATGT CTACACGGAT CATCGCATCA TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTC AGCTAAAGCT CTAGCTAATT CAGTTTTACC AACACCAGTT GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT ACCAATTGGT CGTTTAGGAT CTTTTAACCC TGCACGGGCA CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT TGAATTAACA GCATCTTTTT GCCCAATAAC TCTCTCATGT AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG AAGTTTTTCA GATTCTGTTT CATTGATTTT AGTTAATGGG ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT AACTTCAGCA ATATCTTCTT CTGACAATGA AGTTGaCATG CCATTTTGTG	1560
	CATTCTTCCA TTCATTTTTA GCTTCTTCAT ATTGCTTTTC AAGTTTTGTT TGTTTATCAC	1620
45	GCAGgTTAGC AGCATTTTCA AACTCTTGAG CATGTACTGC GGCATCTTTT TCATTTTTAA	1680
	CTTTTCAAT TTCTTGTTCA ATTTCTTTTA AATTATTAGG TGTCGTATGA CTCTTAAGTC	1740
50	TTACTTTAGA ACTTGCTTCA TCAATTAAAT CAATTGCTTT ATCTGGTAAG AAACGATCTG	1800
	AAACGTATCT GTTACTTAAT TTAACAGCTG CTTCAATAGC TTCGTCTGAA ATATTAATAC	1860
55	GATGGTGTGC TTCGTAACGA TCTCTTAATC CTTTTAAAAT AGCAACTGTA TCTACTACTG	1920

EP 0 786 519 A2

	TTTTGCGATA TTCATCTAAT GTAGTAGCAC CAATACATTG TAATTCACCA CGTGCTAATG	2040
	CCGGCTTCAA AATATTCGAA GCATCGATAG CACCTTCAGC ACCACCAGCA CCAACTAAAG	2100
5	TATGCAACTC ATCAATAAAT AGGATGACAT TACCTGCTTG TTGGATTCTT TCCATAACCT	2160
	TTTTCAGACG CTCTTCAAAT TCACCACGAT ATTTAGTACC TGCAACTACT GTTCCCATAT	2220
	CTAAAGACAT AACACGCTTA TCTTTTAATG TCTCTGGTAC CTCATTATTC ACTATGGCTT	2280
10	GCGCTAAACC TTCAGCAATA GCAGTTTAC CAACACCTGG CTCTCCAATA AGCACAGGAT	2340
	TGTTTTTCGT ACGTCTACTT AATACTTCAA TTACACGTGT AATTTCTTTA TCACGTCCTA	2400
15	TAACAGGATC TAATGTACCG TCTTTGGCAA TGA CTGTAA GTACAGAGCT AACTATCTA	2460
	AAGTTGGAGT ATTATTTGAC TTACTAGCTT GTGCATTTTT ATTACTCATT TCAGGGTTTC	2520
	CTAAAGCTTT CACAACCTGT GCACGTGCTT TAGTAATATT TAAATCTAGA TTTGCAAAAA	2580
20	CTCTTGCTGC AACACCTTCA TTTTCACGAA TCAAGCCTAA TAAAATATGT TCCGTTCCAA	2640
	CAAAATTGTG ATGTAATTTT CTAGCTTCAT CCATCGATAA TTCAATGACT TTTTtagctc	2700
	TAGGTGTATA ATGCAATGTA CCAACATGAT CTTGACCATG TCCGATTAAT TTTTCAACTT	2760
25	CTTCAATTAC TTTATCTTCA GTGATATTAA AACCTTCTAA TACTTTTGCA GCAATTCCTT	2820
	CAGGTTCTTT CATTAAACCC AATAATAGGT GTTCTGTTC TATATTTGAA TGATTTAAAC	2880
	GAATTGCTTC TTCTTGGGCA TGTGCTAATA CCGCTGTGC ACGCTCAGTT AATCTACCAA	2940
30	ATAACATAAA TAATGACCTC CTACTTTATA TGTCTCTTAA GTATATCTGC TCGTTTTTCT	3000
	TTTACAGATT TGTCACTTTC TTCATCTAAT AAAAATGGTG ACTGTATAGC TACCATCAAT	3060
35	TCATTAAATT TAAAGTTTGT TAATTCAATG TAATTTAAAT CTATACCAAG TTAACTCGC	3120
	TTAATCTATA AGAAGCCTCT TCCATAGTTA TCATTCTACA GTTTTGTAAG ATACCTAGCG	3180
	AGCGAAAAAC ACGGTCTTGT GTTTCTAATT GATTATAAGT GTCTAACTTT TGTCGTATTT	3240
40	GTTTTTCTTC ATGAATGATT TGATTAACAA CTTCTGTAA TGTCTCTATG ATTTCTAACT	3300
	CAGATTTACC AAGTGTAAGT TGGTTGGATA CTTGATAAGT ATGTCCATAA ACTTGCGAAC	3360
	CTTCACCGTA AATACCTCTG ATTGTATATC CAAAACGATT AATGGTTTGA GCAATCCGTG	3420
45	TCATTCTTTT CATAATAGAT AGACCTGGCA AATGTAGCAT CACGCTTGCT CTCATACCAG	3480
	TACCTATATT GGTAGGACAT GTAGTTAAAT AACCAAGTTG TTCATCATAA CTTATATCAA	3540
50	GGCTTCGATC TAATTCATCA TCAATTGATG AAGCTTGATT ATATAAAGCC TGTAATGTGC	3600
	TGTCAGTTCC CATAGCTTGA ATACGAATAT GGTCTCTTTC ATTTATCATG AACTTAAAG	3660
55	ATTCATCGTC ATTCACTAAT ACTGCGGCTG CTGGTTGTTT TATTAGTTCA GGAATAATCA	3720

CAAAGTTTGG CAAGGCATCT TGTACCTCAT TTATAACTCT AAATCCcATC ATTTTCAGTA 3840
 GCATACATTA GTGGATGCAC ATGATTTTCT AAAcTACGCG CTAACCGAAT TCTAGAAGAC 3900
 5 ATAACAATTG GTGTTTCTTC ATTACTTTTC ATCCATTGGC TGATATTATC ATGAATATTA 3960
 TGGTCATCA TGTGTCACCT CACTCTCAGC TTTTAGTGCT TTAATTTTCAT CTCTAACAAT 4020
 GGCTGCTTCC TCAAAATCTT GGATTTCaAT AAGTTTTTTC AAATATTcAT TCTTTTCTTC 4080
 10 GATTTTTCGC TTAAAGCTA TCTTTTATG TGAAGAATGT GGTGTCTTTC CAACGTGCTC 4140
 AAATGTCCA CCTGAACTC TCGGACGAT ATCAATGATG TCATCTTTAA ATGTTGcATA 4200
 15 ACAATTAGCA CACCCAAATT TACCAACATG TGCAATATC 4239

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 334:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1245 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

CAAAACTTTG ATTATGTCGT GTCAGTTATT AATGCATACA GTAATGCATC GTTGTtATTT 60
 TTTATTTATT TACTATTTAT TATGTACCAA ATCAGCCTTc CAGTAAAATA GGTCAAATTA 120
 30 CTGATTTTCT AAATATAAAA TGCCTCCTAA TAACATACTA TTAGTACATC ATTAAGAGGC 180
 TCTTGtGTTA TTTGCATACT AAGCGCTCAA ATTTAAATTT AAGATGAAGA TTCTTGCAAT 240
 35 AATATTTCTA TATTTGTCGA TATATCCAAT GGATCTTCCA TTGGCAAGAA TCGATTTACA 300
 ACATTTcCTT GTCGATCGAT TATAAATTTT GTGAAATTCC ATTTTATTGG GGaCCCAAAG 360
 ATTCCTGGTT GTTCaTTCTT TAAATGCGtA AATAACGGAT GTTCATCGTT CCCGTTcACA 420
 40 GATATTTTAG CTAACACTGG AAATGTTACA CCAAATTTCT CACGACTAAT TTTCAAGATT 480
 TCTTCATTAG AACCTGGTTG TCGATTGTCA AAATTATTAT TCGGAAAACT CAACACTACA 540
 AACCCACGAT CcTTATATTT TTGAAATAAA GTCTCTAGTT TTTTCAATTG TTCGCTATAT 600
 45 ATACATTCTG TTGCAGTATT AACAACTAAA ATCACTTTAC CTCTAAATGC TTCTAATTTA 660
 TAAGTTAAGC CTTTATAATC ACTTACTTCG ATATCATACA CATTtCTATT ATTcATAAGA 720
 50 CACCCCTACA CAGCCTTTTT TATATTGAAT ATGTTCTTTT TAGAATGTTT TGATAAAATA 780
 AGTGCGCGTT TACACCGTGA ACACACATTA TATAGCGTGA TACATTTTTC GAGCACACGA 840
 TAAATAATGT TCGAGTTTAT GTTGTGCTC AACCTATCCG ATTTACCGTC TTTTTTCACC 900

55

CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTTAAAAAGA CAATTAGACC 1020
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080
 5 GATCTAACAA TTTAAAATTC GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGTkTATT AAGCCCTCCT TTATChTATT AAATATCCTT 1200
 10 ATAACCCTTT TAAAATTAAA CTGACACACT CATAcATTGT TACAC 1245

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1399 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTGTTCa TTTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTThGTG CTTATATTTT 60
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCA TCATGTGATA 120
 25 ACTTTTTCaA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTTG 180
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTTGTTTA AAATCTTATC TTTTGGAAA ATTcGATTCC 240
 30 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300
 AATAACACTT ATCCATTAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360
 CTTCACTTAr AAAAAAGCCA TCAACATCAA ATAAAATTTT CTTCAcATC CCCACTCCAT 420
 35 TTCTGaAAAT TCAGaTATAA ATCATTCTAC TATTTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCTATT 480
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTThAAAT TTTATAAATG ThTTTCAATT TCATCAGCAA 540
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600
 40 CAACTGCACC GCGGTTTTTA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTTAACTCTA 660
 GACGCAACCT TGTTCACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CCTAAACCTT 720
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTT TCACCAGGAG 780
 45 CAATATTATC TTTTACAAC GTTGGGTCAA CTAATTCATT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840
 TCAAGTTAAA TACTTGGATT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAAATACAA 900
 50 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960
 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020
 ATAAAGATAA TCCTGTTAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG 1200
 CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC 1260
 5 CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA 1320
 ACCAGAACAC ACTATTCAGT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAATAAT CTATTGGCAA 1380
 CACCATATAT GAAAGCTCC 1399

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1329 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

TATAGTThTA TTATTAGCG AAGCATTAACT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG 60
 CGTAITAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTGTT 120
 25 AATTAATGAC TGCGCAACCT TAAACTAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC 180
 AATATGTTCA TAACCTATTC TTCCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA 240
 AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA 300
 30 TATCTCTTTC GATTTGTATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAAATTGT ATCCATTCTC 360
 CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTCACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAc GGTGTGCGTC 420
 CAATAATTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTCGCAA 480
 35 TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTAAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT 540
 GTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT 600
 40 AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA 660
 CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT 720
 TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTT CATTAATTTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA 780
 45 TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTCAT CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG 840
 GGACAATATC TTGAATTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA 900
 CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT 960
 50 TAATAAATCT TACATCCACT TTAAATCCCC CTTTGTATTG CAATAAACCA GTATTGAATA 1020
 CCTTTTCATT GTATCATTGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA 1080

EP 0 786 519 A2

TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCGGTCTG ATGGAAAATT 1200
 TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTTTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC 1260
 5 ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTTGA TCATTTATTG GATATTAACA 1320
 ATTTTTACG 1329

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

GAATAGTGCC ATTTGGAAAG ACATAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCGTG 60
 TTCATATAGA TTTGTGAAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT 120
 GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA 180
 25 TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA 240
 AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTTT TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC 300
 AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC 360
 30 AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCAGT 420
 ATTCTGTATA ATGATTTCTC CTAAACCTCG CATAAACATA AATAACATAA ATCCTATAAT 480
 GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTTGACCAG CACCTAAGAA 540
 35 TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC 600
 CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC 660
 40 TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAAATGTG TAAAATTCCA TGTTAATATA 720
 CTTTGGTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTCTAT TGTAATAATC 780
 ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT 840
 45 TTACATAGAT TTACAAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTtTTTATA TTTCAAAAC 900
 GAAATGCGTT TAcTATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTTCAT AAAGAAACAG TAAAGGGGAA 960
 ATTTATCaTA GCmGaATTAC AAAGAGGTTT AGAAGGGGTT ATCGCmGCGG AGACTAAAAT 1020
 50 AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA 1080
 AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA 1140

EP 0 786 519 A2

	TACACATTTT	GAGGAGTATG	TTACAGATCA	CGTGCATCCA	ATGACAGCAT	TACGTACGTC	1260
	ATTATCATAT	ATTGCACATT	TCGATCCTGA	TGCTGAAAAT	GAATCAGATG	AAAATCGTTA	1320
5	TGAAAGAGCA	ATGCGTATAC	AGGCTAAAGT	AGCATCATT	GTTACAGCGT	TTGCTCGAGT	1380
	AAGACAAGAT	AAAGAACCAC	TTAAGCCTAA	TCCTGACTTA	AGTTATGCGG	CAAACCTCCT	1440
	ATATATGTTA	CGTGGGGAAT	TACCAACAGA	TATAGAAGTA	GAAGCCTTCA	ATAAAGCACT	1500
10	TATTTTACAC	GCTGATCATG	AGTTGAACGC	ATCTGCATTT	ACGGCACGTT	GTGCGGTATC	1560
	ATCATTGTCA	GATATGTACT	CAGGTATTGT	AGCAGCCGTA	GtTCTCTGAA	AGGGCCATTA	1620
	CATGGTGGTG	CAAACGAACA	AGTTATGACG	ATGTTATCTG	aGATTGGGTC	AaTTGAAAAT	1680
15	GTTGATGCTT	ACTTAGATGA	AAAATTGCT	AATAAAGrTA	AAGTAATGGG	cTTCGGTCAT	1740
	CGTGTATATA	AAGATGGTGm	tCCTAGaGCG	AAaTATTTaA	GaGAAaTGAG	CCGTCAAaTT	1800
20	mCGAAAGACG	CTGGTCGTGA	AGAATTATTT	GAAaTGTCAG	TGAAAaTGGA	AAAmCGTATG	1860
	GCAGAAGAAA	AAGGATTAAT	TCCTAATGTT	GATTTTTATA	GTGCGAGTGT	TTATCACTGT	1920
	ATGGAAATAC	CTCATGACTT	ATTCACGCCA	ATCTTTGCTG	TAAGTCGTTc	TGCAGGATGG	1980
25	ATTGCTCATA	TTTTAGAACA	ATATAAAGAT	AATAGAATTA	TGCGTCCTAG	AGCGAAATAT	2040
	ATTGGCGAAA	CGAATCGTAA	GTATATCCCG	CTTGrAGaAA	GAAAmTAATC	AATACAAATT	2100
	AAAAATGAAG	ATGTAAAATT	TGGAGGTAAA	ATAACTATGA	CTGCAGAAAA	AATTACTCAA	2160
30	GGAACGAAG	GATTAAACGT	ACCTAATGAA	CCAATTATCC	CATTTATTAT	CGGTGATGGA	2220
	ATTGGACCGG	ATATTTGGAA	GGCAGCAAGC	CGAGTTATAG	ATGCTGCTGT	TGAGAAAaSC	2280
35	TATAATGGCG	AAAAACGCaT	TGAATGGAAA	GAAGTGCTAG	CTGGCCAAAA	AGCATTTGAT	2340
	ACAACGGTG	AATGGTTACC	TCAAGAAACA	CTTGATACAA	TTAAAGAATA	TTTAATTGCT	2400
	GTTAAAGGAC	CTTTAACAAC	ACCAATTGGT	GGTGGTATTA	GATCATTAaA	TGTGGCTTTA	2460
40	CGCCAAGAAT	TAGATTTATT	TACTTGCTTA	AGACCGGTAC	GTTGGTTTAA	AGGAGTACCA	2520
	TCACCTGTTA	AACGTCCACA	AGATGTTGAT	ATGGTTATTT	TCCGTGAAAA	TACTGAAGAC	2580
	ATTTATGCTG	GTATTGAATT	TAAAGAAGGT	ACAACAGAAG	TTAAAAAGGT	AATTGACTTC	2640
45	TTACAAAACG	AAATGGGTGC	GACAAACATT	CGATTCCCAG	AAACTTCAGG	TATTGGTATT	2700
	AAACCAGTTT	CTAAAGAAGG	AACTGAGCGA	TTAGTTAGAG	CAGCTATACA	ATATGCTATC	2760
50	GATAATAACC	GTAAATCAGT	TACTTTAGTT	CATAAAGGTA	ATATTATGAA	ATTTACAGAA	2820
	GGCTCATTTA	AGCAGTGGGG	TTACGATTTA	GCATTATCTG	AATTTGGTGA	TCAAGTATTC	2880
	ACTTGGCAAC	AATATGACGA	AATTGTTGAA	AATGAAGGCA	GAGATGCTGC	TAATGCTGCT	2940

55

EP 0 786 519 A2

TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT 3060
 GGTGACTATA TTTCAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TGC GCCAGGT 3120
 5 GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA 3180
 AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG 3240
 TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA 3300
 10 ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT 3360
 TCTACATCAG CATTTGCAGA TGAATTGATT G_nAAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG 3420
 15 G 3421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3173 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

CCCTnGATAC CCAAAGTACC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTTAT 60
 TTTCCAATAA ATAA_nCCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmCA 120
 30 TTAATTGGAT TAA_tACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA 180
 AGTACTTTTT AATTCCAAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA 240
 AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAACTGC CAAAATGGTT AAAATCGCAG 300
 35 CAATGACACT AATTTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA 360
 TAAACAACTT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA 420
 40 TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAT ATCAAATAAT 480
 CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTCG TATACGTAA GTCATCGGAC 540
 ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA 600
 45 TCAGTCACTC TTTCATTAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT 660
 GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AAACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA 720
 ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTAA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT 780
 50 TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTTAAATGT TGGAGATTTG CTTTATCATC CTCAATAATT 840
 TGTAATGCTT TTATTTGTTG AATCGGTTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATTGAGAAAA 900

EP 0 786 519 A2

	ATTTTGTC	AACTCACA	AACTCGTT	TTCAGCA	CCACTAAT	TATGAAC	ATCCTTG	ATTGCTAG	1020
	CGCATTTT	TACTATAC	ATGACG	ATCACC	TcAATCTT	CTTGaTG	CAAAA	TTTCAAACA	1080
5	CCTATCTA	TCTTGTT	CAGTAT	GAAAAA	CGACAAT	GATATT	CTTAACA	TTGGCTTAG	1140
	CACAGTt	GGA TAC	CTTAAAT	AACTTG	TAAACAC	ATGATGC	TTTAATA	ATGTTGAT	1200
	GTTCTCAG	CCGCTT	CTATGT	CATCAAA	CTCAATA	AACTTAA	ATCGGCG	AGTTGa	1260
10	ATAATKa	ACA TTG	AGTGCTT	TTAACTT	TTTG	GTTAAAT	ATTTACT	CAAAC TATTTA	1320
	AGTGCGT	CTATCAG	CATTTAT	TAACTT	TTCAATG	TTTCTTT	TATAA	AAATACAA	1380
	ATAAATT	GGA AACT	ACTTG	AGTAGAT	GAGTGG	TCTACCG	TGATTAA	TTaCATAT	1440
15	CaCATCa	TTT Ga	ACTKa	AAA Tc	ACACCCC	GTATGC	ACCA CATG	CTTTAG	1500
	AGTGAGT	ATATCT	ACCTTG	AATAAT	TCGA GTAA	tTCTCT	ATtCCAA	AAC TATGTG	1560
20	ATCGAGT	ATC AGT	GTTGCG	TAnATT	TATG CTTTA	ATGAG	ACTAAT	TGAC CAATAT	1620
	AACGTCG	CCA TTC	GTTGAA	ATACACT	ATCAGAT	ATTTT	TGTA TATTT	TGATT	1680
	AGGGTAT	TTTC	TCTAAC	CTTTT	TTCTAA	ATCAGCA	ATATCT	AAATGCT	1740
25	TTCTAA	ACCA CTTA	AACTTAA	TACCGT	CAAT AATA	CTCGCA	TGATTTT	CTT GATCTG	1800
	CACGAC	ACAA TTTG	TATTTT	TGAAA	ATATT AAATA	ACGCC	AAATTAG	CAT CATA	1860
	ATTTAAG	ATA GTAC	ATGcAC	TATATCC	GAG CCAAC	CTGCT AACATT	TGTTT	CTTC	1920
30	ATAAGCT	GTG GAACT	TCCAC	TAATTA	ATCT TGAAC	TTGAT	AAGTGAT	AAC TATAC	1980
	CATAAAT	CTT TCGAA	ATCAT	CCTTAT	CAAA CGCT	ATTTGA	CCTAATC	CTA AATA	2040
	AGATGT	ATAG TTCG	TACATC	TCTTAT	TTTCTACT	TTCAATA	TACTGT	CTAT	2100
35	TACCGAT	TTTA AGCG	ACCGAT	ATAACC	CTTT CTGTT	TGAAT	AAATCA	ATTT	2160
	CTTCATT	CTT GTTT	CTCTTA	TTTTC	ACAAG	TGTCATA	ATC AATTT	CAAAG	2220
40	TAATCAT	ATC GTAG	TCTAAT	TGGTT	CGGTT GCCC	ACCAGT	AATTAG	ATAA	2280
	AATATT	GAAAT TCG	CCGCTT	TAAAG	CTAAT GGCT	GTAACG	AACGTA	AGTT	2340
	CCTCCAG	CAA TACG	AATTT	CTTCG	TAGGA	TTGATT	AAATC	GGAATA	2400
45	AAACATT	TCA TTGG	TGTAA	ATCAT	CCATG CTTCC	AAACT	TTGTG	CCTTT	2460
	AAAAAAT	TAA TCGG	AATACT	GTCGG	CATCC	ATTTCT	TTTA	AAGCAA	2520
	ATATCT	TGAT TAG	ATTCT	CC	CATACC	ACAA	ATCAG	CCAG	2580
50	GCTTTC	ATTA GTT	CTATCG	ATCTG	TTCTA	TCTTT	TATAAC	TATG	2640
	TCATGG	TAAAT TTT	CACTTGT	ATTAAT	ATTG	TGGTT	TATATC	TGTCT	2700
55									

EP 0 786 519 A2

5 TGTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATTA CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT 2820
 CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT 2880
 10 CCATCGATAA TTTGTTCCTC TGGAATTAAA GCATATCGCT GTTTTGTGTT AATATCTCGT 2940
 GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAAAATCATG 3000
 TTTAATTTTA CTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTAAATAAA 3060
 TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATtTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT 3120
 tCCCCCTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAACAC TTCCTATCTA AAA 3173

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1694 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25 CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAAACTTCAA 60
 CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT 120
 30 nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCATTTAGA 180
 GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCCCAAT AAATATGAAT 240
 GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT 300
 35 CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA 360
 AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTTGGTA AATCTATCAT 420
 TTCTTCTCCA TACAACAAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT 480
 40 AATACGGTGT AAACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG 540
 TGTGTTTTsA ATTTCAACAC ACAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG 600
 TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT 660
 45 CTTyATAGCA TCGTTTAACT GGCTTTCTCT ATCACCaaTa TTACTACCTA AycCTAAGTA 720
 TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA 780
 50 ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA 840
 TTTATACGAT TTGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAACGGC CTTACCTTCC 900
 ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA 960

55

EP 0 786 519 A2

ATTTCAATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTAAAGAAAG 1080
 ATTGTGTCTT GCATTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT 1140
 5 CAACTCGACA TTATGAACGC GTACTGCTCT AACGCCTTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT 1200
 AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT 1260
 GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG 1320
 10 TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCAATTCT AGTTTTCAGC AAACCTATAC CTGGATCTAG 1380
 CCAAATTTTA TTTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA 1440
 TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTAAAT 1500
 15 AATTTCCGCG TCATATTAG CTACAATTTG GAACATACGA TGATCATACA GACCGCCcAT 1560
 tGATCATTA TCATATCAAC GGCTAATTTT AACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT 1620
 20 GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCAaACC GACAATAGCT TCaCAACAG TAATACTCTG 1680
 TTCCATCTCT TCTG 1694

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1358 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

35 AGCAATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA 60
 CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGTT CAGATTTGTA CTTATTATCA 120
 TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTTACTCATA 180
 40 CAAACGTCAC GTAAATTCGC TAAGTTATCA ATGGATTGCA CATCTACTTC TGCATATTTA 240
 AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC 300
 AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA 360
 45 AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTCGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT 420
 TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTGCGAGG ATCTAAATTG 480
 GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAAATAGGC GTACGATGGA TTAATATAACC ACCTAATGAA 540
 50 ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TGCGGTCGGT GATTTAAATG TTCTATCATG 600
 CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA 660

55

EP 0 786 519 A2

TCTTGTA AAA CTGTACCAAC AACATTACAT CTATCATGTA AACAACTAAC GGTTCATCT 780
 TGATTATTTA TATATAGTTC CCCAGTTATG TTACCTTTAG TTTTAAATGG AATTAATCCG 840
 5 TTTATGCAAT TTGCAAAAGT CGATTTACCA CTACCCGAAG CACCAACTAC TAATACTTTT 900
 TCTCCTGGAT AAATATCAAC ATTTATATTC TGTAATGTAG GTGTTGCTTG ACTATGATAT 960
 10 TGAAAACTAA AGTCTTTGAA CGAGATAATT GGTTCAGTCA TGATATATCA TTACCTTTCT 1020
 ATATTCATTT ACATATCTGA TTCAACAAAA TAACTATTCC TTACGTAAAC TACCTTTTTT 1080
 AATTTGAGAT GAaGCATATG CTTTTAATAA TATTGTCCCA ATAATGCCAA CTGAAATAAT 1140
 15 ATTTAATACT GCAGAGATAA CACCTTGTGT ATAAACCTTG TTAGCTGGTT CGTTATAAAT 1200
 CAAAATATCT AATGTTGGTG CAATAAGTGC CCAGCAAATA ATATTCGCAA TAATTTGACC 1260
 GATATTAAAA TAAACCATCG ATTTCTTAGA AAATCGGCCT GAAGAAAGAT TTAATTTTAG 1320
 20 TCCAATCCAG CCATATAAAC AGCCTATAAT TCCCAGAG 1358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4557 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

TAGAAGAATT GGAGAAAATG CTAATTCAAT TGTCAACATT CCATAGTTAT CATGATTTAG 60
 AGTTTCTATT TGTGACACGT GAAGATGAAG TTGAAACATT GAAATGGGCA CGTTGGTTGC 120
 35 CACATATGAC ATTGAGAnGG CAAAACATTA GAGGATTGTG TTACAATCAA CGAACGCGTG 180
 ACCAAATTTT AACGTCAATT TATAGCATGA TTAAAGAACG TATCCAAGCT GTGctGaACG 240
 40 CAGCAGAAGT AATGAGCAAA TTATTTTCAC ACCGCAATTA GTGTTTGTCA TTACAGATAT 300
 GTCATTAATT ATTGATCATG TCATTTTAGA ATATGTAAAC CAAGATTAT CAGAATATGG 360
 TATTTCAITTA ATCTTTGTTG AAGATGtGAT TGaAAGTTTG CCAGAGCATG TAGATACCAT 420
 45 TATTGATATC AAGTCTCGTA CTGAAGGCGA ACTGATTACG AAAGAAAAAG AATTAGTTCA 480
 ATTGAAATTT ACACCTGAAA ATATTGrTAA CGTCGATAAA GAATATATCG CGCGACGTTT 540
 GGCGAATTTG ATACACGTCG AACATTTGAA AAATGCAATT CCTGATAGTA TTACATTTTT 600
 50 AGAGATGTAT AACGTGAAAG AAGTAGATCA GCTTGATGTG GTTAATCGAT GGAGACAAAA 660
 CGAAACATAC AAAACGATGG CAGTACCTTT AGGTGTAAGA GGTAAAGATG ATATTTTATC 720

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATACAT TTTATCTTTA GCTATTAATT TTCACCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TCGGTGCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGGAGAGC ATGATGTTAA	1020
	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
10	TTTATTCATT ATTTCCGATG AGTTTGCCGA ATTAAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAACTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
	ACAAAAACCA TCGGGTGTG TTGATGACCA AATTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
15	ATTTAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CCaGgTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAaT AATGAmATTT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAACTGAG TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAACa GATTTcAGAA AATTATGGTC	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATSGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTTGCAA GACACCATCG	1860
	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTCTGA TTTCGGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
35	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTTAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATTC ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAAAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCGG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTCGA GCATTGTTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAac ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520

55

EP 0 786 519 A2

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAATATGC GATTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGGCCCAT TTGAAAAAGA TTCACTTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAAGGACC AGAACTTGGC TTGAACATTT TATTTGTCCG CATTCTATAA	3000
	GAATTAATAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAAATGAT TAACCAATTT	3060
15	AGTATAGGTA TTCGTATTTT AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTTAAAGATA TAAAAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATTGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCACTAGAT GATATTGAAA GCACAGCAA GGACGTACAA ACTGCAAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAACGTGTA AGGGAAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAGAAA TTTGATGAAA CAAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTTACTCA TTATGGCAA GTTTCAAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAACCTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGTTT AAAAATAATG GGTTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320

55

CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440
TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTTATGAA CAAAATGATT TGTTATTCAT 4500
5 TCGATACCCA TTAAAAGATA AAGTGCTGAA TGTTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
10 (A) LENGTH: 3931 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGTGTAGAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTTA 60
20 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAC 120
TTACTTGGCG TAAAAGAATT ATTATCAGAT ATGGTAAGTG AAAAAGTTAG AATTCACACG 180
CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTCTTCAG CAATTTCTAC AATTTCTAGT 240
25 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300
ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGaTTT 360
GaTTGGTTTA AACGTAAAC AAACAAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420
30 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480
GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAACTAAT GAAATCTCTA 540
TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600
35 GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACACGCCG 660
TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720
40 GTCAAGCTTT AAACCTTATCT AAAGCTGAAT CTAAATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780
GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840
AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTTACTTCT GGTATGGGTG 900
45 GCGGAACTGG TACTGGTGCA GCACCACTCG TTGCTAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960
TAACTGTTGG TGTTGTAACT CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAAACTCAAG 1020
CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080
50 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATTT AAAGAAGCTG 1140
ACAACGTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

EP 0 786 519 A2

	GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT	1320
	CTCCATTACT TGAAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG	1380
5	GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG	1440
	ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG	1500
	TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG	1560
10	GTAGCACTGG ATTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT	1620
	CATTCACTTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA	1680
15	CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA	1740
	GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA	1800
	ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGaACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC	1860
20	aAAGTTATTA AAAGTGTTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaAAAAATTA TTTGCGCAAC	1920
	ATTTTAACTT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA	1980
	AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG	2040
25	CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAACTAGA	2100
	GGAGATGGTT TAAGTGAATA TCCTAAAAAT GCTTTTAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT	2160
	CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA	2220
30	AAAAATTGGG TGTTCCTCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGAT TACAAAGGAT	2280
	GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TCGATGTAC	2340
	ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT	2400
35	TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT	2460
	GAAATTGTAA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT	2520
40	ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAAAA TAAATTGAA	2580
	ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT	2640
	GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATTATG GTGTTCTTAA AGAAAATATT	2700
45	TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA	2760
	AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTG ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT	2820
	GTTTGCCTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA	2880
50	AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC	2940
	GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT	3000

55

EP 0 786 519 A2

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480
 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTAAAT 3540
 15 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660
 20 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAAACAATG CATCACAAGA 3780
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840
 25 TGAGCTTAAA AACCGCCGTG CGACACTTGT CAATTTACAA CGTaTTGATA AAGTATCAGC 3900
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3150 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

40 AATTGTCGGG GGA CTCTTAG GTTTTGT CAT GCAAAGAACA AGATTTTGTT TAACAGGTGG 60
 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTT TATGCATTAT TAATCGCTAT 120
 TACTAITCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGAA TTGGAATAGT 240
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGLACTTG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAAACAAC 420
 TGGCATTCCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTA ACTATA ATCACCATT TTTAGTTGT 480

55

EP 0 786 519 A2

	AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT	600
	TGGACTTATC GCACTCTTAG CTGGCCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT	660
5	AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACCTTTTG ATTACAGGTG AAATAAATT	720
	TATTGATTGG GGTGTCTTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTTCATATA TTGCAGCTAG	780
	AGGATCAAGA GAATTTAAAT GGCGATTGCC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT	840
10	TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGCCTC AGTTGCTGGT GGTGTTCTA TCGGTAACGG	900
	TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGAATTGGCA AGGATGGATT GCGCTAGCAT gCGATGATAG	960
	TTGGTGTATG GACAAAGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGCC AATGAAAAAA GTACACCAAC	1020
15	AATCTGCAAA GGTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT	1080
	TGATCAAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT	1140
20	AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC	1200
	TGGAGATGAA TTAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCCAAATTG	1260
	GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTTCATGGAC	1320
25	AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA	1380
	TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTTTTTAG TTCATGAAAT	1440
	CATTTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAACTT AACGCATTTT	1500
30	TGCTTTTTAT AAATTGTCAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGGTAAGTA TGAATCTTAA	1560
	CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAG	1620
35	TTTATTTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT	1680
	GGCAGCAATT GTGCTTGTTA CATTTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTTGG	1740
	GAATGGGAAT TTATGGTTCT GAAATGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTTGC	1800
40	GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTCC TTTGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT	1860
	GTTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGGTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT	1920
	TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG	1980
45	GGTTTGGGGC GCGGTTGGA TTAACAACT CCGGTGATTA GATTTGCTG GAGGTACGGT	2040
	TGTTTCATATT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA	2100
	CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATACG TTGAATGGCG GTATATTCGT	2160
50	GTGGATTGGT TGATATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTTGATA ATATTGCGAT	2220
	GCTTGCATTT ACAAATACTG TCATTTTCTG CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT	2280
55		

ATTAGTTGTC ATTACTCCTG CAGCAGGATA TGTAACATAT CTTAGTGCAA CAATAATGGC 2400
 TTTAATAGGA GGTATCTGTT GTTATATTGT CATTAAATTAC ATCAAGGTAA AACTAAAATA 2460
 5 TCATGATGCA TTAGATGCAT TTGGTATTCA TGGTGTGGT GGTATTATTG GTGCTGTTTT 2520
 AACAGCAGTT TTCCAAAGTA AAAAAGCCAA TCCTGACATT GAGAATGGCT TTATTTTATAC 2580
 10 TGGTGACATA CATATTATAC TTGTACAAAT ATTATGTGTA ACAGCAGTTG TAATTTTTAG 2640
 TATAGTCATG ACGTTTATTA TTGCGAAAGT AATTAAATTa ATTACACCAT TATCTGTTAC 2700
 GGAACAAGAA ACGAATATAG GATTAGACAA GATTGTTCaC GGTGAACATG CTTACTTTGA 2760
 15 AGGTGAGCTA AATAGATTCA ATAAACATAT TCGATATTAG AATATATTTA CATAGAATAT 2820
 TCATTGTCCT GACATTTAAC TAAAGGTTGA TGTGGGACA TTTTGTATA CAAAAGTTTT 2880
 ATTTTGAAAT CTTTTTATGA AAGAAGCAGA AATATTATTT AAAGCGGTTA CACATATGCT 2940
 20 AAAATAAGGC TAAGTGTCAC AAATAATGAT AGGTGAATAA GTATGAAAAA TATATCTGAT 3000
 ATTGCCAAAT TGGCAGGCGT TTCAAAAAGT ACAGTATCTA GATTTTIAAA TAATGGATCT 3060
 GTCAGTAAAA AAACAAGTGA AAAATTAACA AGAATTATAG CAGAACATGA CTATCAACCG 3120
 25 AATCAATTTG CTCAAAGTTT AAGAGCGAGA 3150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 30 (A) LENGTH: 3719 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

GTTATAGTGA AATTGACTCA TCACATTTCA CAGACCGTGA CAAACGCGTT ATTAGACGTG 60
 40 ATCATGTTAA AGAAGCACAA AGCTTAGTAG AGAACTATAA AGATACACAA AGTGCTGATG 120
 CTAGGATGAA AGCCAAACAA AAAGTTAACA CATTAGCAA ACCGCATCAA AACTATTTCA 180
 ATAAACAAAT TGATAAGGTT TATAATGGAT TACAACGCTA ATCCAAAGTA AATTATAAGT 240
 45 TATACATCTC GTTTTTAAAT GACAATTTAT CCCCCTAAAT ATTATAAATA ATCTTTTCAA 300
 ATTCCACATA GATATAGAGA CACTAATAAA CCTCTTTGTC TCGATATGAT AGTCTGCAAC 360
 50 GATTCATGTT GTAGGCTTTT TAATTTTACA AATAAGGCTA AATATATAAG TTCTGGCACC 420
 TAAAATATAG AAAATACATA AAAGTAAGTA TAGTTATTTT ATTATAATTA TTAAATTTT 480
 ATTAATTAAT TGTA AAAATG TATAATTATA ATTAATTAAC GTTTAATATT AAAATTAAC 540

55

EP 0 786 519 A2

	ATCGTTTCAA TATTACTTAT AGGGATGGCT ATCAGTAATG TTTCGAAAGG GCAATACGCA	660
	AAGAGGTTTT TCTATTTTCGC TACTAGTTGT TTAGTGTTaa CTTTAGTTGT AGTTTCAAGT	720
5	CTAAGTAGCT CAGCAAATGC ATCACAAACA GATAATGGCG TAAATAGAAG TGGTTCTGAA	780
	GATCCAACAG TATATAGTGC AcTTnCAACT AAAAAATTAC ATAAAGAACC TGCGACATTA	840
10	ATTAAAGCGA TTGATGGTGA TACGGTTAAA TTAATGTACA AAGGTCAACC AATGACATTC	900
	AGACTATTAT TGGTTGATAC ACCTGAAACA AAGCATCCTA AAAAAGGTGT AGAGAAATAT	960
	GGTCCTGAAG CAAGTGCATT TACGAAAAAA ATGGTAGAAA ATGCAAAGAA AATTGAAGTC	1020
15	GAGTTTGACA AAGGTCAAAG AACTGATAAA TATGGACGTG GCTTAGCGTA TATTTATGCT	1080
	GATGGAAAAA TGGTAAACGA AGCTTTAGTT CGTCAAGGCT TGGCTAAAGT TGCTTATGTT	1140
	TATAAACCTA ACAATACACA TGAACAACCT TTAAGAAAAA GTGAAGCACA AGCAAAAAAA	1200
20	GAGAAATTAA ATATTTGGAG CGAAGACAAC GCTGATTCAG GTCAATAATG CTCATTGTAA	1260
	AAGTGTCACCT GCTGCTAGTG GCACTTTTAT AATTTTTAGA TCACGATATG ATTTATTATC	1320
	AATTCAGAAT TAAAAAGTA AATAGTATCA AAAGTAAGTG TATTTAATAT TAGAAAAATA	1380
25	AAATTTTAAA TTTAGTATTA AAATGGAATG TTAATATATA GTTCAATGTG TATTATCACA	1440
	GAAAAATAAA TAATGCTTTA CTTCTATATT TAAAGTGTA TAATGAAAGT TAAGTAATAA	1500
	AGAGCGTGAA GAAAAATGTG AGTTATTTAT ATAGAATATT CTCCTTTTCA TTTATGAATT	1560
30	TGTTACAAAA TATTTAGTGC AAAAGCACGA cGGAGGTATT CAATATGaAT AACGGTACAG	1620
	TTAAATGGTT TAATGCAGAA AAAGGTTTTG GTTTCATCGa AAGAGAAGAT GGTAGCGACG	1680
35	TATTCgTACA CTTctCAGCA ATCGCTGAAG ATGGATACAA ATCATTAGAA GAAGGCCAAA	1740
	AAGTTGAATT CGACATCGTT GAAGGCGACC GTGGCGAGCA AGCTGCAAAC GTAGTTAAAA	1800
	TGTAATTTTA ACTTATTCAA ACAGTCCTTA CTATAGGGCT GTTTTTTTAT GCTTTAAATC	1860
40	GATAACAGTT GGTGTGGTAA AAGCACTAGC CGTTATTTTT TTGTCCAATA AATTTAGTTG	1920
	GAGATTTAAC AATATATAAT GGTTCATAAA TAAATCGAAC TGATGGAAAA GTTTTTTACT	1980
	TTTCATCTGT CCGACTTTTG ATTTTGAATa TAAAAAGCG CCAATACAGA ACTTTAATAA	2040
45	TGACGAGAAT TAAAGTCTGT ATATGGCGAT AACAAGAAGT AATGTTAAAC ACTCAAAATG	2100
	TTTAACAATA ATAGGATACC ACATCGCATA ATATCTTACT ACTTAATTAA TAATTTAACT	2160
	AATCAACTTT TTGTTAATTT TTTATTAAGA CTGATTAATT ATTGAGAATA TTTATTGTTT	2220
50	TTAAAATCTC ATAATAATTC AGTAATCTTG TTTTCATTTA AAAGGCGAAA CATTAAAATA	2280
	ATTAAATAAA AATATTGCGT TTAATTTACA GCGTCAAATA TACTTATTTT TAATGCTTTG	2340
55		

ATTTCTGTGA GTATTTGGAA GCTACCATTA GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT 2460
 TCCGCTTGTT GTATTAATAA AGGTTTTGTA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCACTCATG 2520
 5 TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT 2580
 TCAACCAAAA TTTTGTTCGA ATTCAATAAA TGTCTTGTTT AAAATAGAAA TATTGTAAAT 2640
 GTTATCGTCC AAAACTTCAC CAGTTAAGTA TTTGTTTTGA ATTAAAATTT GGCAGTTAGT 2700
 10 TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTTCA CGTGCATCTT TAGCATCGCC 2760
 AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTGCGA CGTTCAATAT ATAATTTGTA 2820
 AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAAATAT TGGGCCTCCT 2880
 15 GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAATAAT TTAATATTT 2940
 GATGAACTG TGTTAATAAG CTTTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAAATTATC 3000
 20 TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC 3060
 ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTTT TGCTGTTCAA 3120
 ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTGTT ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTGAGC 3180
 25 CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTGGCC 3240
 ACTTGCATAA TTATATTTAA AAGATTGCGA GGATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCCC 3300
 CTCAATTTGT AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCscCA 3360
 30 CATGACAGGG CCTTTTGTA CAATAATATC ACCAGGTTGT AATTGGAATT TGTCATCTTG 3420
 AATTTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC 3480
 GAATAATATA AGTAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAAGC TCCTTGTGTA 3540
 35 AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGtAAGACTA 3600
 AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TnAAAAACAG 3660
 40 TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTTTCATT TATAGCACA 3719

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1676 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA 60

CTCITTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTA ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC 180
 ATAGCCACCT GCTGTGCGAA GATCATCTCC CGGCTTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT 240
 5 CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT TACAACCTTT CTTTTTGGTA AAAACTTCCC 300
 ATTTGTCCAT TCAGGTATTTC TTGCTTTATT ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA 360
 TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTTT 420
 10 ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTTAAATGT 480
 ATAAATTGAG TTCGGTACTT CCTTACCAAT AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT 540
 CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA TTGATTTGCT ATTAATAACT CCCTACCAGT 600
 15 TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGGTTT CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT 660
 TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCATATAA ATCACTTAAC GTTAAGTTCG GCTCATTACC 720
 20 ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA 780
 TAAACGTCTT GATTTGTAAT TAACTCTAAC CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA 840
 ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCCT 900
 25 ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA GGATGTATTG TTGGCACAaC ATgaCTTACG 960
 TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT 1020
 TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTACACCCG 1080
 30 TTTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCAGTT 1140
 TGATTTACTT TTTCTGTTAA TATATCCAAT TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA 1200
 35 CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA GCTGCTTTCC CGCCATCTAA AATCACACCA 1260
 TGCACACGTT GATCTTTTTT AATATGTTGT CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA 1320
 ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT 1380
 40 CCGTAAAATT TAACATCTAA AACATCCACT GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA 1440
 TTTCCCGGAT GAATCATTAA GGCAATGTCT ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA 1500
 GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCACCT TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT 1560
 45 TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGAGTT 1620
 CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC 1676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1294 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAC CTAATACAAC AAATACAAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60
 TGTGTTCCAA ATTGATGGT AATTCATTTG TAGTTCCGTT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180
 TTCTTCTGCT AAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTACTAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACTTC TAAAATCGTC ATAGAACCTT TAGGTAATAA 480
 20 TTTTCCGCGT GTAATAGCAG ATACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600
 GACTACAGTT GCAAACACTA GTGCCATTGA CATTAAATAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660
 25 TAATTTTGTT CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAAATC AACTTGTATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780
 30 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900
 CTCAAAATTT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGGC ATAATGACAT AGATATATTG 960
 35 ATAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGTT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020
 TGTTTAAATT ATTGATTGTc ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTcG TTGTTCATAC 1080
 GCGAGCTTTT CAGCATTCTG TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATAaAAA TATnAACCaG 1140
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTTGtT TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTTAAATTTA 1260
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTT AAAT 1294

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 1935 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

	ACATGATAAT GATGACGCTA TTAAACACG TTTTATTATT TTCATTGTTA TAACCTTCTT	60
	TCGTATGATT GATATTTGTT GATATGTATC GACATGTGAA TAATATCACA AAAACAGAGA	120
5	ATATATATTT AACTATTTAT TAAATGATTT TGTTAATATT ATTAAATACT TTATCCTCTT	180
	TAAAAATAAT GTGTGTACAA AGTCATTAAT TTAGCAAATA TTTTATTTTA GTAGTTAATA	240
10	ACCATCGATT TGAAATTTAT ATATAATTAT TAGCTAAATA ATATCCTGCA TCTTTCTCAT	300
	ACAATTTACT ATAAATagC ATATCCGATA TCAGCGTTAA TAAGATCGTT GATACTAGmC	360
	AGTTAATTTT ATAGAACGAA ATCAAATAAC ACACTACTTT CTGCATTTTA AATTATGTTT	420
15	AAGAATCaNA ATTATGTTTA nATAAATATA TATACTACTT TGAAAGGTGT GAGCTTAATG	480
	ACAACTTTTA GTGAAAAAGA AAAAATTCAA TTACTAGCAG ATATTGTTGA ACTACAAACT	540
	GAAAAATAATA ATGAAATAGA CGTTTGTAAT TATTTAACAG ATTTATTCGA CAAGTACGAT	600
20	ATTAAATCTG AAATTTTGAA AGTTAATGAA CACCGCGCCA ATATCGTTGC AGAAATCGGT	660
	AACGGCTCAC CTATACTCGC ATTGAGTGGT CATATGGATG TTGTTGATGC AGGAAATCAA	720
	GATAATTGGT CATATCCCC TTTTCAACTG ACAGAAAAAG ATGGCAAATT ATATGGCCGA	780
25	GGCACTACAG ATATGAAAGG CGGTTTAATG GCTTTGGTCG TATCTCTAAT CGAATTAAAA	840
	GAACAAAATG AATTGCCTCA TGAACGATT AGATTACTGG CTA CTGCTGG CGAAGAGAAA	900
30	GAACAAGAAG GTGCCAAATT ATTAGCTGAT AAAGGCTATT TAGACGATGT CGATGGCTTA	960
	ATTATTGCTG AACCAACTGG ATCTGGAATT TATTATGCAC ATAAGGGGTC TATGTCATGT	1020
	AAAGTAACTG CAACTGGTAA AGCTGTCCAT AGCTCAGTTC CATTTATTGG TGACAA TGCA	1080
35	ATTGATACAC TGCTTGAATT TTATAATCTA TTAAAGAAA AATATTCAGA GCTTAAACAA	1140
	CAAGATACTA AACATGAATT AGATGTTGCG CCTATGTTCA AATCATTGAT TGGAAAAGAA	1200
	ATTTCTGAAG AGGATGCAAA TTATGCATCT GGTCTTACAG CTGTATGTTT GATTATAAAT	1260
40	GGCGGcAAAC AATTTAACTC TGTACCAGAT GAAGCTTCAC TTGAATTTAA CGTAAGACCA	1320
	GTTCTGAGT ATGATAACGA CTTTATAGAA TCGTTTTTCC AAAATATCAT TAATGATGTG	1380
45	GATAGCAATA AGCTTTCACT CGATATTCCA AGCAATCACC GACCTGTAAC AAGCGATAAA	1440
	AATAGCAAAT TAATTACTAC GATTAAAGAT GTAGCTTCTA GTTATGTAGA ACAAGACGAA	1500
	ATATTTGTTT CAGCGCTTGT AGGCGCAACA GATGCCTCTA GTTCTTAGG AGATAATAAG	1560
50	GACAATGTTG ATTTAGCCAT TTTTGGACCA GGTAATCCAT TAATGGCACA TCAAATCGAT	1620
	GAATATATTG AAAAAGATAT GTATCTGAAA TATATTGATA TTTTAAAGA GGCTTCCATT	1680
55	CAATATTTAA AAGAAAAATA AGAACGATGC TGTCAGCTGC CCTATTCGCG TGCTGGCAGT	1740

TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT 1860
 GATTTGTCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT 1920
 5 AAACTCGTAA AAnCC 1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1351 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 348:

CCTTTnCCCTA AACAATTTTT AGATTTAGAC AACAAACCGA TTTTAATCCA TACATTAGAA 60
 20 AnATTTATTT TAATTAATGA TTTTGAAAAA ATTATTATCG CGACGCCACn ACAATGGATG 120
 ACGCATACGA AAGATACACT TAGAAAATTC AAAATTTCTG ATGAAAGAAT TGAAGTCATT 180
 CAAGGTGGTA GCGATCGTAA CGATACAATT ATGAATATCG TTAAACATAT TGAATCAACA 240
 25 AATGGTATTA ACGATGACGA TGTCATTGTG ACACATGATG CAGTTAGACC ATTTTTAACG 300
 CATCGTATTA TTAAAGAAAA TATTCAAGCT GCTTTAGAGT ACGGTGCAGT AGATACAGTG 360
 ATTGATGCTA TAGATACGAT TGTTACATCT AAAGATAATC AAACGATTGA TGCAATTCCA 420
 30 GtGCGTAATG AAATGTACCA AGGTCAAACA CCTCAATCGT TTAATATTaA TTTATTAAAA 480
 GAaAGCTATG CACAGTTGAG TGATGAGCAA AAGAGTATTT TATCTGATGC TTGTAAGATT 540
 35 ATTGTAGAAA CAAACAAACC GGTTGACTT GTAAAAGGTG AGTTATATAA CATTAAAGTA 600
 ACAACACCTT ACGATTTAAA AGTAGCGAAT GCTATTATTC GAGGTGGTAT TGCCGATGAT 660
 TAATCAAGTA TATCAATTAG TTGCACCTAG ACAATTTGAA GTTACGTATA ACAACGTAGA 720
 40 TATTTACAGT GACTATGTCA TTGTACGTCC TTTATATATG TCAATTTGTG CTGCCGATCA 780
 AAGATATTAT ACTGGTAGCC GTGATGAGAA TGTCTTATCT CAGAAATTGC CAATGTCTTT 840
 AATTCATGAA GGTGTTGGTG AGGTCGTATT TGACAGTAAA GGTGTGTTTA ATAAAGGTAC 900
 45 AAAAGTAGTT ATGGTACCGA ATACGCCGAC AGAAAAAGAC GATGTCATTG CTGAAAAC TA 960
 TTAAAAATCG AGCTACTTCA GATCAAGTGG ACATGATGGG TTTATGCAAG ATTTTGTGTT 1020
 50 GCTAAATCAT GATAGAGCTG TACCACTACC TGATGATATT GATTTAAGTA TTATTTTATA 1080
 TACAGAGCTT GTAACAGTAA GTTTGCATGC TATTCGTCGT TTTGAAAAGA AATCTATTTT 1140
 AAATAaAAAT ACATTTGGTA TTTGGGGTGA TGGTAACTTA ggTTACATTA CAGCCATTTT 1200

GAGTCACTTC TCATTGTGTG ATGATGTCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320
 ATTTGATCAT GCATTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 411 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTTGTAGT TGTAAATTCG 120
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTCG 180
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTTGTTATTA CGCATTTTAT AAACCTCCTTA ATTGTTATTT 240
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCCATTA 360
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1639 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60
 TTGGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180
 TTTATCCnGC TGGCGATGGT CGTATTAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240
 TCATTGCTAT TATTA AAAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTACTTATTA TCAGGCTACA 300
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTGCAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC 600
ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG 660
5 CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAAAT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA 720
GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTTGCTA ATATACGGTT TGTTTATCAG 780
CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCGCAGCTAT TTTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA 840
10 TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC 900
ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT 960
15 TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT 1020
TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTTCCTTA TAAAAAATT ATTTAATGAA 1080
GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAATACT CCATATATTA GAATGGCTAC 1140
20 TTTATCTATT GCATCAATCC TTAAAAACAA AAAACCCATG ATTTGAAAT TCCCGTATGA 1200
TGGGGTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTT 1260
AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAA AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG 1320
25 ATTGGCATTa CATAACGCTT CCAAACATAT TATTTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC 1380
AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTTAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA 1440
30 TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGGTTCTA TTTACTTTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT 1500
TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTTAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA 1560
ATCCATTTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGcATTTT 1620
35 TAATCTCAGA AATGCTATA 1639

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
40 (A) LENGTH: 1816 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

AAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAAGTA TATTGAAAAA 60
50 CCAAGCGCAC CCATTAATAA TGCGAGAATA ATAATAATTT TTCTATTAAA GTGATGCGTA 120
TCCGAAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA 180
AGTAATCCAT ACTGATTTGT TGTACATCCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACAAGATAT 240

55

TTCTyTATTT GTAaTAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT 360
 AATThAThAA TTAGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG 420
 5 TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTTG GTGCATTAGC AACCAACTAC 480
 GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAaAATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG 540
 CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT 600
 10 GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TTATCAATTT 660
 CTACTTTTTT AAACCTCAAAT TGTTCTTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA 720
 TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA 780
 TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTTATAT 840
 AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAACCTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT 900
 20 TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT 960
 TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTTCAGTTG 1020
 AACCAACTTG CACTTGTATT TCAACATTAG GAAATTGGGC ATTATATAGG CTCAAAACCT 1080
 25 CAGGAAGTAA GGTTCGTCCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACTT 1140
 CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG 1200
 CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA 1260
 30 AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTTGTAGCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG 1320
 ATATATATAA AATTTTCAGCC GCTTTACGTA ACGTTTTCTG TTCGTCTAAT GTTATTAGTA 1380
 35 AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAACCTTCA 1440
 TGGCTACAAG CATTCATGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG 1500
 GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTTCTTT TGTTGTTGGT GATTTTTTAGT TTGATTATAT 1560
 40 TGCTTAGGCT TTATTTGTTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTTGTATGA 1620
 TTTTTTTGAG CCTTGCATT AATTTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT 1680
 TTAaAATCAT TTTCTAACTC TGCCATAATT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT 1740
 45 TGCTTTTTTG TAATTTGCTC ACTTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC 1800
 TCATaTcACC ACTTGG 1816

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 9956 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAKTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTTGTTAT	180
10	TGTCTTAGCA GCAAGTGAAA TAATAATGAT CATTAGGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTGGAAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCCGCACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
	CAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
20	TCCCATATCT ATATTTTAA GCCATTCTTG ATTTGTCACT ACACTGTAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTTC ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAGGCGT ATCAATAGAG TTATTTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATTA CATTAGTTAG ATTCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCCT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
35	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCAATTATA CCTAATTTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
40	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCATTTCG AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
	TTACGGGCT ATATTCAGAC CCACGCATTC ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAAAC CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTTAAATATG CTTTTCCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCC GATTCAACTA	1500
50	ATTCAGAACG TGTTCGTTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
	CAGCTGGCGT TAAGATACCT TGTAAGTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620

55

	TTTCAGCTTC GATTTCACCT TTCGTTCTTT TCATATCACT AACTCCAATA ATATTAAAAAT	1740
	TGATTACTTC ATCTTTGTAT CGTTATCACG ACATCAACTA TTACATTAAG TTTATCATT	1800
5	TTAGTATATT TTAAGAAGCT AGAACATTGT AGATATGATG ATATATTAGT TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT CATCGTTAAA TCCAACCTTT AAAACGCCCT TCCTCATTAA CGCTCATTAA	1920
10	ACGCAGCCAA TGATTAGACA CCTTCCTAGC GAAATGCTCA TTATTCGCGA GTAGTCTTGC	1980
	TACAACATAG TCGGGTGCCT GAATAACGAC AAGTAAACGA ATTGGCGAAT GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA GCCATAACAG ATTGCCATGA TAAGCCATAC ATCAGATCAC TCGCATTACC	2100
15	TTGCATGACA CCAACACCTG ACGTGACGGT TTGTGTCGCT TTATTCCCAC TTCCGTAAAA	2160
	ATGCGGCGCA ACTGTGACG CATAATATTG TAAATTAAATC CATTGTGCCA CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG ATGGTATTTA ATAATGTGCC ATCTTTATCT TTACGCCAAT CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC CGCCCTTCTA AATCAATGCC TTTTGTTAAT TGGCGTCGTC CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT TTAGCCAATC CCCATTCTGG ACGTACCTCA CTCCAATCAC TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT TCCACTGGAT GATTACACG ACCAATCGTT GGCAGTTTGT CCAAACGTT	2460
25	GCGATTGCGg TgtTCAGAAA TCATCGGCAT CGCGTCATTC AATGATTCAT ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA GATAATGTGT CTGGCACATA TACCCATGCC AACGTATCAG TAGACGTATG	2580
30	ATGTTCTGCT ACCGCAAAAA CAGTTGTCTC TGGAATATAC ACACCTGATT GTTTTAATCC	2640
	TTGTCTGACA TTTGGACGAT TACATATCAT CGCTAATAAC TTAGCATTAA AACCGCTTGA	2700
	TGCGCCACCA CAAGCCCCAC ATTCAAGTGA TGCATGATGT GGATTATTGT GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT GCTAACACAA CGAACGGCGC AAATGCTTCG GTTAAATCCA TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC GCGAAATCAA TTTGCTCTTG CTCAGTAAAT CCAACAGGTA AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC TCACGATCAA TCGTCAACTT TGTTTCAGGC TTTTTCACC ACTTTTGT	2940
40	TATTTTTTGT AAAGACGCGC GACTTTTTCT AGGCATAATC GAATTGACAA TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT GGCCCACTTA ATTCAGGCAA TAACAGACTA GGCATGACAT TATTTTTCAT	3060
45	CAATTTAAAT GTGTAAACA TCGATGACAT TGTCTGTTGC TGTTGTCGAT AAACATTCAT	3120
	ATCGTAGCGG TCTGCAAATT CTTTAATGCG ATATGCCGGC GGTACCATGA CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG AATTGTTTCGT CTACGGCATC TTTTGAATA GGTAATCCAA AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC GTTTCAAAGG GCCCTGCTGC TTCGATATGT CTACGAAATG GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA CAAAATGCAA TTTGCGCTTT CGTTGATGTG CCCATCTGAT TTAGCTCGCT	3360
55	ATTATTTTCA TCAACTGCTT GTGTGTCATT TAACAATACT GAATGTGGCT GATTAGCGTT	3420

	TGCTTTAATT TTTTGTTTTA ACTGAGATTC GTATGTCATT TCCCAGGCAA TTAGCCATAA	3540
	ATTTTTAAAT ACATTTTAT TCATAGTTGC TGCAAAATGA ATAAACGTTT GAATTTTCATT	3600
5	GACGTCATGT TGTAGTAATA CATCGCTAGG CATATCACTG TAGTAACACC ATGATGCAAC	3660
	AGTTTGCTTA AACCAATTTT CCGATCTACT TTCACAATCT TTAGCGACTG ACTTAAACTC	3720
	ATCACCAACT AGCAATTGTT CGACAATAA CCGAATTGCC AAATAATCCG TTAACAAATG	3780
10	TTGTTCAAAG TGATGCTGTT GTGAACGGTA ATACAACATA CCTGCCCCAAC CCGGTAACGC	3840
	CAAAAGATGT CCTTCAACAT AAGCTTGGTA GTCTTCCTGA TCTATTGAAA AATGAGTTAA	3900
15	TACTGACTCT ATCGTCATTT CAGGATCATT GGGTAAGCCT TTAATCACTT GGCGCTGTGC	3960
	TTTAGTAAAA CTATGGTCAT GTTGCCTAA ATGCAACCAT GCATGGTAAA AACTTTGcTC	4020
	ACGCTTCGGC ATGTGCCAAC TCGATAGAAA TTGATCGATA TAAAGTTTCG TCCATTTAAT	4080
20	CATTTGACGA TTCACTTGTT CGCTAAGTGG CTCACCTGT TCATCTATTA TTGCATCACT	4140
	CATCGGACGT ACATCATAGT GATGATATGA TTCAGCCATA TCACGTTTTG ATTTTCTAA	4200
	TAGTAGATCA GCAACAACAT CAACATTGA ATGATTCATA TATGATGCAG GTACGCTCTT	4260
25	TAATGTTTTA ATGTTATCAA TATAAGATT GATGTAGTGT TCGGGATAT TGTAGTGATG	4320
	TTCAAGTAAC ATATCAGTAA CAAGTTGATT AAAGACACTT TCATCTAATT CACCACGTGC	4380
30	CACAGCGCTT TCTATTAATG CTTTATTTGG GAAAATATCC ACATCTCGAA CATCACGTAA	4440
	CCATTTTGCG ACATCTTCAA ACGTATCCGC TTCTAATCCT TCCCATGGAT TTCGTGCTGC	4500
	AAAAATCGAA ATTGGTGATA ATGGTGTAAT AACACGTTTC GCATTTTCAA TGAAGTAAT	4560
35	GATATTTAAC TGTGTTGTCA TACCTTTCAC CTCCTATAAA TACTTCTTCA AATAATTCGG	4620
	ATGACTTTCT ATCGCTTTTCG AGCGTGCTTC ACCTAGATTA ACTAACCACA CGTACAATAC	4680
	CGCAAAAGCC TTAGAGTATC GATGCCGCGC CACCCAAATA CTTAATAAAC TGCCAAAGAT	4740
40	TAAAATAACA AACTAATGA TGACACTCAC TGTAGGCGGC GTTGTGCGAT GTGTTGTTAT	4800
	ATTTTGTAAT ACAGCGTAAA AATAATTATG TGTGATGACG TAGATAAATG TCACGATTGC	4860
	AATCAAAATC ATACCAACAA GACGTGCCAT GCGTCCTTTA CTAAAGGCTA CCATTTGATT	4920
45	CCAAGATACA AGTAATGACC ATCCTAGAAT GAGTGCACTT AACACTTCAT ATGCACTTCT	4980
	GTCACTACTC ATCCAAAATA GAAATGCCAC GATAATAGCT AATACACGTC CCATGACAAT	5040
50	CCAGCCATAA GCGTCTTTAG CAGATGCTTG TTTTGAATA TTGAATCGCT TCACGATAGA	5100
	ACCTGATTGT AAAAATAATG TTGCTTTAAA AATACCGTGC AATATTAAAT GAATAATCGC	5160
55	TGCTGAATAT ACACCCAATG CACATTGAAC TAACATAAAG CCCATTTGAC TCATCGTAGA	5220

	AGAAATACTA GAAAGGATAA GTAATAATGA TAACGCAAAT CCATTATCAA ATATCGGCGC	5340
	AAAACGAGTT AGAATAACAC CACCTGCATT CACAATTCCT GCATGCATAA TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT GCCGTTACAG ATTCAATCAA CCATCGATGA AAAGGAAATT GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA GCTAATACAA GTAGTACATT CGTCAACAAT GACCATGTCTG GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT ACCCGCCACT CGCCAGTCGC AATATAAATA GTTACAATTG CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA CCACATAAAA ATGTCATGCT TGATAATTTT GCAGACTCAC GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA TTAACGTTCA TCAGCAATGT TAAACATAAT AATGTAATAC CCCAGCAGAG	5700
15	TGCCATCAGT CTTAAGTCTT CAGACATCCA TGCTAAAGAT GCAAACGACG TAATCGCAGT	5760
	GAACAATGGA AAGTAATGTC TATAATGATG ATCACCTAGT AAATATCGCA TTGAAAACCTT	5820
	TTGAATAATA AAGCCAAGCG CCATTACAAA GCCAGCTAAT AACCAAGATA AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA CCTAAGACAT GTTGACCATG AATACCGAAA AAGCCAATGA CTGCAAATAA	5940
	TACTGGCATG ACTAGTATGT ATAAATGTAA TTTAATATAT CTCATTGGCA TAACTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC AAGCCACTTA TCAATGCAAT GATAAGCGCA ATAACAAACA GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA CTTAACACTG CATAACCTCC TTATTCTCTAA TCTCTCGCAT AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAT AAAAACCTAC AATAGTAGAT TCTGTACATA ATGGCAGAAA ATTTACTATT	6180
	GCAGGTTTCA GTTTAACTAG AACTGTCATC ACGGTACGTT GATATACCTT GTTGCAGTGT	6240
30	TCTCTTTAAG CGTGCTCCCA TGCACATATG TATATAAAAT GTTACTTCTG TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT AAATATGCTT TGCCTAGACG AGACCTAACG TGTTATTCGT TTTAAACTTA	6360
35	TAACATAAAA TATAATTAAA TTTCTGCTTC ATGTCAAATT CATGAGCTTA ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT TGTAAGATT TTGTAAATGC ACCTGTACAG TTAGGCAGTA TTTCCCGTCC	6480
	TTTTAAAATA AAAAATTCGC AGTTATGATC ATAACAATTC AAGTTAGGAA AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG ATAACATATG ACAATGAAGT TAACTCATAA GCAAAGGAGG TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC GCTGGCATCA TTAAAGTTAT CAAAAGCTTA ATCGAACAAT TCACTGGTAA	6660
45	ATAAGATTTT ATAACAAACA AAGGAGGTCT TTCACATGGG TATCATTGCA GGAATCATT	6720
	AATTCATTAA AGGATTAATT GAGAAATTCA CTGGTAAGTA AGTTATAAAA ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC TTATTGAAG GGGGCCATT ACATGGAATT CGTAGCAAAA TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA TTTACTTGGT AAATTTTGTAG GTAACAATA ATCTCAAACA TTAACGATCA	6900
	ACAACTCATC ACTATGTAA ATCAACATAC AGGAGGACAA AACGATGGCT ATTGTAGGTA	6960
55	CTATCATTA AATCATCAAA GCAATTATCG ACATTTTCGC AAAATAATTT AAGCGAATTG	7020

EP 0 786 519 A2

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTTGTAGTC TGACGCGTTA	7200
5	TATTTTTGTG GCGTGTTTTA TGTTTGATAC TCGAGTTCTG AGACATTCAT GATTTGGCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
10	GTTGCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
15	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAAACTATC ACACTTTAGA	7560
	TAGATTGAAA ACAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACCTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAACAATTA AGCCACAATT CAAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTTGTAA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
25	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCGCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAAGTGG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
30	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCCC ACCAGACTCA AGTTCTTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAAATCTAC	8220
	TTCAGAATTT GTTGTCTTAA TAATTTTAGC AGTCGGTTGC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
	TAACCTCGCT AGTTCTTCTT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
40	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTTAGCATC	8460
45	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
	ATCAATATAT GAGAAAGTTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTTGA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTCGACT AATTTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
55	AATTACCGCG ATACGTGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820

ACTTCAATTT ATTTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTTACA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940
 TTTCGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTTACT 9000
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060
 TGTCAITTTTA GTTTTATATG TTACTGGTAT TGCATTTATT CTACTCAGTG TTTTTGGTTC 9120
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAAGTGCAG CGCTTTATGG 9240
 TTTGTAAAGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATT 9300
 15 TGATAAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTAA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTTTTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420
 TCGATTCGGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TTAAAAAGAA GCGGCCTAGT 9480
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATTGGTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGTAGTTTAG 9540
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGTCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAAAC 9600
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTTAAAAATTA GCTTTAAAAg ctTCGCAATG TTGCGCCATT 9660
 25 TGTTC AATTA ATACTTTTTC TTCACCTTTT AATCCGTTTT CAATATCTTT GTATTTATGC 9720
 TTATGTTT CAG GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTTCTTTTT GCGCTTCCAT TTTAGATATG 9780
 30 AGATTAAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATT CTTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840
 ATTAGAGTCA TTTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTCC CATTCTTGCT TTCTGA 9956

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:

TTTCTTTTAA CAGaTTTATC cCATTAAATTG TTCTACAAGC CCACGaTGAG CAATATCATT 60
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CGGTGAACAA TACCTGGACG 120
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTTT AATTGATAC ATTAAACCAT TAACTAATGT 180
 ATTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACTGC 240
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300

55

EP 0 786 519 A2

AACAACTTTA TCGTTTGCAA CGACTAAACC TGCTTTAATC CAATCTTGTA TCTGGTTACG 420
 AGACCAATCA TTATTTAATT CAGGCAGCAA CTTATCTACA CGCATACCTG TTTGTTCTTT 480
 5 ATCTGTAATG TTAAATTCAT AAGTCTCCAT TACTTAACCT CCTTCTCCTT TTTATTGGAA 540
 GTATCCTTTA ATAAGGCAAT AATAATTAAT ATTACACCAA TTGTTAAACT TGAATCTGCG 600
 10 ATATTAAATA TTGAAAATC ATAACCAAAA ATATTTGTAT CAATAAAGTC AACAACTTCT 660
 CCTGTAAAAA TTCTATCAAT AAAGTTTCCA AGTGCACCTG CAAAAAGTAA ACTAATAGCA 720
 ACTTGCATAA ACAAATTATA TTGAGCATCT TTAATAAAGA AATATACTAA GGCTATTAAAT 780
 15 ATAATAATGG TAATAATAAA GAAAAATGTC ATTTTTCAC TCAATATTCC CCATGcAGCA 840
 CCATTATTTT GATGTGaTGT TATGTTTAAA AAGTGC GGTA TCACTTCAAA TGAATCTCCA 900
 ATTTTCATTG TAGTAGCTAT AATATATTTA GTAACCTGGT CAAATATAAC GACAAATACT 960
 20 GCTATTAAAA TGGAAGTGCC AATAAAATAT TTTTGTGCA TTTTCGTTCC TCCAATCAAT 1020
 CGTCCATGAG ACAACTCTTT ATATTATAGC TTACACCTGC TAATAAAAAA AGTAAGCATA 1080
 TTACATTAAA TCTAATGTTA CTAACCTCAAT ACTTGATAAA CTACTATGTT TTGACATTAA 1140
 25 ATATGAACTT AATTATTCAT TTATCATATT TAAGATGACA TTAAAAATTA GGAAAGCAGG 1200
 CTGGAACATA AATCCCTAAA AAGACAGTAG TAAGATATTT TCTAATTAAA AATTATCTTA 1260
 30 CTGCTGTTCT CTATTTATAC AATACTTCGT ATTGAATGGC TTCGCTATGC CCATCTGGCA 1320
 CATTACTGTA AAATTCTATA AATAGAATTT TTGATGATGG GTCCCTTCCT AGGGTGCCGT 1380
 CTCAGCCTCG GcCTTCGACT GGCAGTCTC CCTCAGGAGT CTCGCCATTA ATACTACGTA 1440
 35 TTAACATGTA ATTTTACTTT TAAATACTTT AAAAAAATAA GACATGAATC GTCTTAACTT 1500
 AATTGGACAA ATTCTATGAG AATAGATATT GTTAATTTAA GAAAGTAGGC TATTTTGAGT 1560
 TcCACTCGAA TGTCAGTTG AGGAATAAAT AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA 1620
 40 ATGGCAATTA ATATAAGGAA AATAGCAGCT CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC 1680
 AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAATTAAT AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA 1740
 CTTAATGTCC CAAGCCCTAA AACTTGTTGT TATTTATTTG ATTTAGCAGC GATACGTTTA 1800
 45 TATCTTAAGT ACATAAATGC TAAAAGTATA AACCAAATCG GAATAAAATA AATTGCACGT 1860
 CTTGTATCAA CATTAATAAA TAATAACCCG AACACAAAAA TGAAGAATAC AAATATTAAG 1920
 50 TAGCCCATAT ATTTGCCACC TAATAGTTTG TACGTAGCAT TTTTATGTAG ATCTGGGTTT 1980
 TTACGACTAT AATTGATATA TGCAATGATA ATCAGACCCC ATACAACTAA AAATAACACT 2040
 GTAGAGATGG TAGTCACATA CGTAAATACT TTTGTGCGAT CTGGGAAAAAT ATAGTTTAGT 2100
 55

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGtYgTTGAC TTGATAAACC GaAAAGCATA 2220
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTAA TACTACAAAA 2280
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCGA ATrATTTTnC GAATGGACTG 2340
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400
 TTnnATATTA A 2411

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 605 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TTnCAtGGGT TTTTACTAGG AnTACCCAGA 60
 AGGTCAAAAT ATTTTtGATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTC TTATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240
 AATAGGTGTA GCGGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCACA 360
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420
 TGGTGTtGTA TTTAAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AAACAGATAC 480
 35 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGACTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540
 GAGTGcATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 668 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAACT ATTcATATGT TGGACAATTT TTAAACGAAC TAGGATTtAA 60

ACAATTAGAC ACTGAACATT TAGCTGATTT AAATCCAGAG CGTATGATCA TTATGACAGA 180
 TCATGCTAAA AAAGATTCTG CTGAATTCAA GAAGTTACAA GAAGATGCAA CATGGAAAAA 240
 5 GTTGAATGCA GTTAAAAATA ATCGCGTGGA TATTGTTGAC CGTGATGTTT GGGCAAGATC 300
 TCGTGGCTTA ATTTCTTCTG AAGAAATGGC TAAAGAACTT GTTGAATTAT CAAAAAAGA 360
 AAAAAAGTAA GGTGGAAGTA AATGGCTATA AAAGAAATAA GTAGCCAATC TGCCATAGAT 420
 10 CATAAAAGAA AAAGACGCAC AACACTCACG TATATACTGA GTTTGTGCTT TCTTTTTATT 480
 TGTATATATT TAAATATGGC GATTGGTTCT TCGAAAATTA ATTTTAGCGA TATCATTCAC 540
 15 TATGTTACTG GTCATACAGA TACGAAAGCA ACGTTTTTAT TGCATAATGT ACGTATGCCA 600
 AGGATGATTG CAGGGTTATT TATTGGCGGT GCATTAGCGG TATCTGGTTT GTTAATGCAA 660
 GCAATGAC 668

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

30 ATACAAAAAA ACATATCGAA AATAAAGCTA AAAGAACTA TCAAGTTCCA TATTCAATTA 60
 ATTTAAATGG TACATCTACA AACATTTTAT CGAATCTTTC ATTTTCAAAT AAACCTTGGA 120
 35 CAAATTACAA AAATTTAACT AGTCAAATAA AATCAGTACT GAAGCATGAT AGAGGTATTA 180
 GTGAACAAGA TTTAAAATAT GCTAAGAAAG CTTATTATAC TGTTTATTTT AAAAATGGTG 240
 GTAAAAGAAT CTTACAGTTG AATTCAAAAA ATTACACAGC AAACCTTAGTT CATGCGAAAG 300
 40 ATGTTAAGAG AATTGAAATT ACTGTTAAAA CAGGAACTAA AGCGAAAGCA GACAGATATG 360
 TACCATACAC AATTGCAGTA AATGGCACAT CAACACCAAT TTTATCAAAA CTTAAAATTT 420
 CGAATAAACA ATTAATTAGT TACAAATATT TAAATGACAA AGTGAAATCT GTATTAAAAA 480
 45 GTGAAAGAGG CATCAGTGAT CTTGACTTAA AATTTGCGAA ACAAGCAAAA TATACAGTAT 540
 ATTTCAAAAA TGGAAAGAAA CAAGTAGTGA ATTTAAATC AGACATCTTT ACACCTAATT 600
 TATTTAGTGC CAAAGATATT AAAAAGATTG ATATTGATGT AAAACAATAC ACTAAATCAA 660
 50 AAAAAAATAA ATAAATCTAA TAATGTGAAA TTCCAGTAA CAATAAATAA ATTTGAAAAC 720
 ATAGTTTCAA ATGAATTTGT GTTCTATAAT GCAAGCAAAA TTACmATTAA TGaTTTAAGT 780

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 534 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 357:

AAAGTAAAAA TAAATCTCCC TTTTAACTT TCGTTTCTGC CATAGCCATT GCTTCTTCTG 60
 TGATAGTTGC TACAATATCT TTTCTTTCAC GGTAAAAATG TTCAACTTGT TCTGCTAAAA 120
 ATGCAGCTTC TTCTTCGACG TCAGTCATCA ACAATTCGCa AGCTAATGAT GCGTCATCTA 180
 AACGACCTAC AGCATTAACT CTAGGTCCAA TAATAAAACC AATTGTTTCT TCATCAATAT 240
 TGTCAATTGTA TCCCGCTTCT TTTAGCAATG CTTTAAACAGA GGTCCGACAT TGATCATTTA 300
 AGACTTTTAA TCCTTGtTC ACTAATGATC GATTTTCATC AGTTAAGGAT ACTAAATCCG 360
 CAATGGTACC TATCGCAACT AATGCTTTAA AATAATCAGG TACATTTtCA ATCAATGCTT 420
 GTGCTAATTT GTATGCAACA CCTGCACCAC ACAATTGTTG GAACGGATAA TTAAACGATG 480
 GATGCATTGG ATGTACGATT GCATATGCTT CTGGTAATGT ACTACCAATT TCAT 534

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3621 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

GGTGAGTCAA ATTAAATGAA TCTAATAAGT CATAACTATC TATTTGTAAT GTGCAACGCT 60
 TAACGCATAT ACAAATGAA TGTGCTGATA ATGATTTACT CAAATTAAAA GGTGATTTTT 120
 ATTCAATGAT GAATGAAAGT TGCCTTTTTA TTTTGGTAA AAGTTAATGC GTCAGTGAAT 180
 TGTGTAAGTT TTCAAAAAG TAAAAAGAAA TAATAAAGGT GAATTATTAG AATTCCArAA 240
 ATAATTCATT ACATTCATAA AGCATTTTAC AAATGGTAAG AAAATGAGTG TTACAAATCT 300
 AAATATTGCA AAAGAAGCTG ATTTAGTCAC AAAAAATGTC CTATGTAATA ATTGAGAGAA 360
 GATGCACTAT ATACGGTCTT CTTACTATTC AAATGTAAAA GTTGCTTATT TGCGTGGCTT 420
 TTTGTTTTAT AAAAGTATAA AATTTTACTA TAATATATCT TGTAGAGAAC AATGAAATGA 480

EP 0 786 519 A2

ATAGCAAAC GTATTACTTT GATACAAAAA TGTTTGTAAT AAATATTTAT CGATATGACG 600
 ACTTGAATAT GATAAAGTGA CATATTTATG TATATGACTA TTTCGCAAAA TGTAATCGAG 660
 5 GTAGAATTTT TTGACAATTC TGTCAAGTTA TAAGATGTTA TAAATATGTA GTGTATAAGG 720
 AGGCAAACAA GATGACTGAA GAATTCAATG AATCAATGAT TAACGATATT AAAGAAGGTG 780
 10 ACAAAGTCAC TGGCGAGGTA CAACAAGTTG AAGACAAGCA AGTTGTTGTT CATATCAACG 840
 GTGGTAAATT TAATGGGATT ATTCCTATTA GTCAACTATC TACGCATCAT ATTGATAGCC 900
 CAAGTGAAGT TGTAAAAGAG GGCACGGAAG TTGAAGCATA TGTCATAAAA GTTGAGTTTG 960
 15 ATGAAGAAAA TGAACTGGA GCTTACATCT TATCTAGAAG ACAACTTGAA ACTGAGAAGT 1020
 CTTATAGTTA TTTACAAGAA AAATTAGATA ATAATGAAAT CATCGAAGCG AAAGTAACAG 1080
 AAGTAGTTAA AGGTGGTTTG GTTGTGATG TAGGACAAAAG AGGTTTGTG CCGGCTTCAC 1140
 20 TAATTTCAAC AGACTTCATT GAGGATTTCT CTGTGTTTGA TGGACAAACA ATTCGTATTA 1200
 AAGTTGAAGA ATTGGATCCT GAAAATAATA GAGTCATTTT AAGCCGTAAA GCAGTTGAAC 1260
 AAGAAGAAAA CGATGCTAAA AAAGATCAAT TATTACAATC TTTAAATGAA GGCGATGTTA 1320
 25 TTGATGGTAA AGTAGCGCGT TTAACCAAT TTGGTGCATT TATAGACATT GGCGGTGTTG 1380
 ATGGTTTAGT GCATGTATCT GAACTTTCTC ACGAACATGT TCAAACACCA GAAGAAGTAG 1440
 TTTCAATTGG TCAAGATGTT AAAGTTAAAA TTAAATCTAT TGATAGAGAT ACAGAACGTA 1500
 30 TTTCATTATC AATCAAAGAT ACGTTACCAA CACCTTTCGA AAATATTAAA GGTCAATTCC 1560
 ACGAAAATGA TGTCAATGAA GGTGTCGTAG TAAGATTGGC AAACCTTGGT GCATTGTTG 1620
 35 AAATTGCACC AGGTGTACAA GGACTTGTAC ATATTTCTGA AATTGCACAC AAACACATTG 1680
 GTACGCCAGG TGAAGTGTTA GAACCTGGTC AACAAGTAAA TGTAAAATA TTAGGTATTG 1740
 ATGAAGAGAA TGAAAGAGTA TCACTATCTA TTAAAGCAAC ATTACCAAAC GAAGATGTTG 1800
 40 TTGAAAGTGA TCCTTCTACG ACTAAGGCGT ACTTAGAAAA CGAAGAAGAA GATAATCCAA 1860
 CAATTGGCGA TATGATTGGT GATAAACTTA AAAATCTTAA ACTATAATTT AATATTTAAT 1920
 AGTCAACTCC ACATGTTTAT GATTGcATGT GGAGTATTTT TATGTAACAA AATATACTCG 1980
 45 GAATGATAAC GTGGgACAAA TTAACTAAG TGTTTAAAAA GATArAGTTT TAAGTGcGa 2040
 tTTTTATCAT TACAGTAATA AACTCATTTT GAATACACAG TCTCATGTGA TATTATTAAA 2100
 AAGATATaAG AAAGAGAGGA AGTTAGCTTA TGAATAAACC TATAGTAGCT ATTGTAGGTA 2160
 50 GGCCTAATGT AGGTAAATCT ACAATTTTAA ATAGAATAGT TGGAGAACGT GTTTCGATTG 2220
 TGGAAGACAC GCCAGGTGTA ACACGAGATC GTATTTATTC TTCAGGTGAA TGGTTAACAC 2280

55

AAATTAGAGC GCAGGCAGAA ATCGCCATAG ATGAAGCGGA TGTTATTATT TTTATGGTTA 2400
 ACGTGCGTGA AGGATTGACA CAAAGCGATG AAATGGTCGC TCAAATTTTA TACAAATCTA 2460
 5 AAAAACCGGT CGTATTAGCG GTTAACAAAG TAGATAATAT GGAAATGCGT ACAGACGTGT 2520
 ATGATTTCTA TTCATTAGGA TTTGGTGAAC CGTATCCGAT ATCAGGGTCA CATGGTTTAG 2580
 GTCTTGGTGA CTTGTTAGAT GCAGTTGTTT CTCATTTTGG TGAAGAGGAA GAAGATCCTT 2640
 10 ATGATGAAGA TACAATTCGA CTATCCATTA TTGGACGACC AAACGTAGGT AAATCAAGTT 2700
 TAGTAAATGC TATTTTAGGT GAAGATCGCG TTATCGTTTC TAATGTTGCA GGGACAACGA 2760
 GAGACGCTAT TGATACAGAG TATAGTTATG ATGGACAAGA TTATGTTTTA ATCGATACTG 2820
 15 CTGGTATGCG TAAAAAGGA AAAGTATATG AATCAACTGA GAAATATTCA GTATTAAGAG 2880
 CTTTAAAAGC GATTGAACGT TCAAATGTTG TTTTAGTGGT CATAGATGCA GAACAAGGCA 2940
 20 TCATTGAACA AGATAAACGT GTTGCAAGAT ATGCACATGA ACAAGGTAAA GCAGTCGTGA 3000
 TTGTCGTAAA TAAATGGGAT ACTGTGGAAG AAGATAGTAA AACGATGAAG AAATTTGAAG 3060
 ATGAAGTACG TAAAGAATTC CaATTTTtag ATTATGCACA AATTGCTTTT GTGTCTGCTA 3120
 25 AAGAACGCAC AAGATTACGT ACATTATTCC CTTACATCAA TGAAGCAAGT GAAAACCATA 3180
 AAAAACGTGT TCAAAGTTCA ACTTTAAATG AAGTTGTTAC TGATGCAATT TCCATGAACC 3240
 CTACACCAAC AGACAAAGGT AGACGTTTGA ATGTCTTTTA TGCAACACAA GTTGCTATAG 3300
 30 AACCACCGAC ATTTGTTGTA TTTGTTAATG ATGTAGAATT AATGcATTTT TCTTATAAAC 3360
 GCTATTTAGA GAATCAAATC CGTGCCGCTT TTGGTTTGA AGkTACACCA ATTCATATTA 3420
 TAGCTCGAAA GAGAAATTAA CGATTGGGGG ATAACAATGA CTAAAATTAC CGTTTTTGGT 3480
 35 ATGGGAAGTT TTGGGACAGC CCTTGCCAAT GTTCTTGcAG AAAATGGACA TGATGTTTTG 3540
 ATGTGGGGTA AAAATCAAGA TGCTGTTGAT GAATTAAATA CATGTCATAC AAATAAAAAG 3600
 40 TATTTAAAAT ACGCGAAATT A 3621

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 643 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTCGGAAG TTAGGATCnG nGCTATCTTG GCCCAATTA CCAAGGGAAC TAnTGGCACC 60

AATGCTCTTT TCATCTCCAT GCCCTGTTGC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA 180
 ATGGCATTG TTAAGTACGAT TCCAATTAAC ATTAGCATAC CAATTAACT TGGTACTGAT 240
 5 ATTGTTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG 300
 AATAAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG 360
 ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT 420
 10 GATGCACCAC CGATATTAA CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC 480
 ATCACTTGTC GTGTTGTGCC ACCCACATCT TTATTTGTGA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT 540
 15 GCATAATCTC CTTGTTCTTG CGTCAATTTA CTTGGTGTGC TTGTTTAAAC TAACGTAGCG 600
 ATATCTCCCA ATTAAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTTC AAG 643

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2524 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

TTTCAAGGCyG TGCAAGGGCT TTTTCTTTTG CTTTAAAGAT TATGATTTAT CGTGCAAAGT 60
 30 TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG 120
 GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA 180
 35 AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG 240
 AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTTC AAGAGGTGTT GGTGATTCAA 300
 CCGATGTCGT AAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT 360
 40 TAAGACCTGA GGGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA 420
 ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC 480
 AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTAAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC 540
 45 CTAGCGTAGA TGCAGAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA 600
 AACATTTAAA GCTTGTTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG 660
 AAGCGTTAGT GAaACACTTT GAACCAGTAA TTCATGAATT TTGTTGAGAT TGTCAATCAC 720
 50 GTTTGCATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA 780
 TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTCT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC 840

55

EP 0 786 519 A2

	GTGGATTGGA TTATTATACA CATAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG	960
	ATGGTGcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG	1020
5	ATGGTCCAAG TGAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGCAC	1080
	TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAAACCTT AGATTTATTC ATTGTTACAA	1140
	TGGGTGATCA AGCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA	1200
10	TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC	1260
	GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG	1320
	ATGTTAAAAA TATGACAACT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT	1380
15	ATTTTAAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG	1440
	TTACTGAGGC ATTTTtagGA CAAGAAATTA CATTAAAAGG ATGGGTTAAC AATCGTCGTG	1500
20	ACCTTGGTGG ATTgATTTtC GTTGATTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CmAGTCGTGT	1560
	TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG	1620
	TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCcTGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA	1680
25	AAACTGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAATAAA TCTGAGACAC	1740
	CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTCGA TTAAAATACC	1800
	GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAAATGAGA CATCAAATTA	1860
30	CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTTCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC	1920
	TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTTAGT ACCATCTCGT GTTCATGATG	1980
	GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTTAA GCAATTATTG ATGATTAGTG	2040
35	GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC	2100
	GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAGACCAA GAAGATGTGA	2160
40	TGCAAATGGG TGAAGAAATG CTTAAAAAAG TTGTTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA	2220
	ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC	2280
	CAGATACAG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT	2340
45	TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG	2400
	GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGtaAACaTC	2460
50	ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTtGA CAAGGTCCCA	2520
	ATGG	2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

55

(A) LENGTH: 1507 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 361:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTTCAGTTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTGTC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAaT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTtACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAAG AAACGAAAGG TAAAATTGTC	480
25	CTATTCAATA GAATGGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAAAACGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
40	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
	GTTTGTGAAA TTTTGTGATA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
45	CAAATTAGTG TTAGGCATTA TTTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
	CATAGGTAAG GAAGCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTTAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATTCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
55	mTATGTGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1216 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

TACATGTTTC	GGATGCTACT	TTATTTAGTT	TGAAGGTGC	ATTATGGACG	TTAGCGCAAG	60
AAGTTTATCA	AGAATGGTAT	TTAGGATCGA	AGTTGTATGA	AGATGTTGAA	AAGAAAATAG	120
CACGAACTAC	TTTTAAGACA	GGTTATATTT	ATCAAGAAAT	TATTTTGAGA	CCAGTAGATG	180
AAGTTAAGGT	ACTTCTGAAT	GATTTAAAAG	GTGCTGGTTT	CGAATTAGGT	ATTGCAACAG	240
GTCGTCCTTA	TACTGAGACT	GTTGTGCCAT	TTGAAAATTT	AGGATTGTTA	CCATATTTTG	300
AAGCTGATTT	TATTGCAACA	GCAAGTGATG	TTTGAAGC	AGAGAATATG	TATCCGCAAG	360
CACGACCATT	AGGAAAGCCG	AATCCTTTTA	GTTATATCGC	AGCTTTATAT	GGTAATAATC	420
GCGATAAATA	TGAATCTTAT	ATCAATAAGC	AAGATAACAT	TGTAAATAAA	GATGACGTAT	480
TTATAGTAGG	CGATTGTTA	GCTGACTTAT	TAAGTGCTCA	AAAAATAGGT	GCAACGTTTA	540
TTGGAACATT	AACAGGTTTA	AAAGGTAAGG	ATGCTGCAGG	TGAGTTAGAA	GCGCATCATG	600
CCGACTATGT	TATTAATCAT	TTAGGTGAAC	TTAGAGGTGT	ACTAGATAAT	TTGTAATTTG	660
ATTGTTGTTT	GACAGCATAA	CTTGTAGTGA	ATGATTGAAC	CAAAGGTTTC	ATATTGAGTT	720
ACAATGAAAT	TAATAATGAA	AAAATGCCAA	GAAGCAATGG	AAGTAATCCA	ATGTCTTCTT	780
GGCATTTTGA	ATTTACATAA	ATTGTTTATG	ACTGTACCGT	CAATTCAGTT	GTGAAAATTT	840
GATTGTATTC	ACCAACTTGT	TTAAGTTCAT	CAATTATATT	GTTTGAAACA	GGTTGATCAA	900
CGGATAAAAT	CATTAGCGCA	TCTCCGCCCG	CTTCAGTTCT	ACCTAAAGTC	ATAGATGCAA	960
TGTTGATATT	GTATTTACCT	AACAATGCGC	CAGTTTTTCC	TACCATACCT	GGAGTATCAT	1020
TATGATATGA	CACAATTTGA	TATTGATTTG	GCTTTAAGTC	TACAGAAAAA	TTATTAATTC	1080
TAACAATTCT	TGGACCGAAA	CCTGTAAAGA	CAGAAGCGCC	AACTTTAACG	GAATCGChAT	1140
CGnTTGATAG	TTCTACCTCT	AAGTAGTTAC	TAAAACCTGT	CTCTGCTTTA	TTATTTTCAA	1200
TATTTAATGT	CACTTG					1216

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 867 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

	ATCAAAATAT TTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAAA TrmAATAGAA AATAAATTTG	60
10	ATCAAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCAGT GGATTAGCTG	120
	GGATAGGGAG ATATTTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTTAATGTT AAAGCATTAA	180
	AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCCAC	240
15	AAGArAGTCA ATTTTGTAGAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTTG	300
	GCCTTGCACA TGGaGTGCTA GGACCGATGT CTTTATTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA	360
	TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA	420
20	AATTTTGTAA CCACGAAAGA TGGTTGCAGC GTTACGATTT AATTTCTGAA CGTAATCATT	480
	TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATG GCAATACGGG TGTAATGACG ACGTTGTTTT	540
25	TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAAAAT GTCTAAAAAA GTGATGCTAC	600
	AAGTAGTAAA TGATAAAGAT GAAAAATTAA TAAGTCCAAC TATTTGTCAT GGATTGTCAT	660
	CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT	720
30	ATATCACTGT ATTAATAAAT AACTGATTT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT	780
	TTATAGACAT TAATGAAAAT AAGCAAGATG TATTTAAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG	840
	AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT	867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 10813 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

45

	TACCTTTTCT TtTAAATCAT TTTATATTTT CCCaCTAATA TCCGcTGtTA ATCaATCctG	60
	ACATCcttGT ATCaCTATGA CAATTAATTG TTAAATACAT GAATTTCTAC ATTTTATGAA	120
50	AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTCATTACA GTTACTTTTA	180
	TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTTGTTA TCATAATTAA CGTTGAATAA	240
	AGAAAAAAT TAACTTGGGA GATAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA	300

55

EP 0 786 519 A2

	CAATCGCATG CCGCAGTTAA TTATTATAGT AAAAACCAAT GTACATGGTG GGCATTTAAA	420
	CGTCGCGCAC AAGTCGGTAA ACCTGTTTCT AATAGATGGG GCAATGCTAA AAATTGGTAT	480
5	TACAATGCAC GTAAATCAAA ATATGCGACT GGTCTGACAC CAAGAAAATT TGCTGTCATG	540
	CAATCAACTG CAGGATATTA TGGACATGTC GCAGTTGTTG AACAAGTATA TAAAAACGGT	600
	AGTATTAAAG TTTCAGAATA CAACTTTTAT CGCCCATTAA AATACAATAC ACGTGTTACTA	660
10	AGCAAAAAGG CAGCACGTAA CTTTAACTAT ATTTACTAAT CAAAAAAGCTT CTATCACGAA	720
	CGCTTCAATT TCCTGTATGC GTGTGATAGA AGTTTTTATT TTATGAAATT ATATTATTAC	780
15	TTCTACAAAT TTCAAATTGC CGTAATTGAA CGTATATTTC TTCTTCAACT ATTATTTTCAT	840
	CTTTAGCATA ATCTATATAT AAAATTTTAT GCTATTATTT AAATAATTCTG CTATAACTTA	900
	ACATACGTTT TCGATATAAA CCTTGTCTA AATCTCAATA ATTTTTTGCT GTTTTCATCG	960
20	TCATTAGTTA AAAAAATAAT TTAAGTGAGT TTTTGAGACC TGTTTAAATT GATGACTCAA	1020
	AACCTTTATC CCCTTTTCAC TCGGTTTAAT TGCTTTAATA TTAAACACAG TCTCATTGTA	1080
	ATTTTGCTAC TAAGTTTGAA ATATTTTCGAT TCGAATGTGA AcATCATTTA TTATTACTTT	1140
25	CGACAGCTAG AAAAAATATTG TTAACCAAA ACTATAATTA CCACTTTTAT ATAGAACTAT	1200
	ATATAAATTT TAACTTTGAG ACAGAACTGC TAGTCAGGTT TATGAATATA TTTCTTTAGT	1260
	TTACTTGaTA TACTTATTGG TAAATCATTa TTTATTGAA GAGCATTTAT AACAAAAAGT	1320
30	ATAATCCCAG TTATAGCGAT TCCATGACCA TTTTATCAG TCAAAGATTC ATCAACAAAA	1380
	ACTTTTTGAT AAATTTATAT ATTGTATAA TTTATTATGG TAGATATCTA CACCCGTATC	1440
	TATAACAGCT ACAGTTATCA TTGCGTCTTA TCCAAATAGT TTTTAAGAAA TAAATATAAT	1500
35	TCATTAATAT CATGGCTATT TGTAACGTCA GtGCTTaAGA CCTTGTCAAT TATTGTTTTA	1560
	TCTGTTTCTA AGAGCCCCTG ATTTTCTGCA TACATATTTT GTATATCGCT GTTAATCTCA	1620
40	TTTAATTTTT TAAATTTTTT TCTAACCTTT TTCAAATAA AATGCTCTTT AATTCCATCT	1680
	CTTAAATACA TATAAATCTC TATTATAATC TCCATAAATG TCATATCTCC TCTCTCAAAA	1740
	AACATTATAC TCAATATATT AAAAAATAAGA AAGGTTTTTT CAGAATTTTT AGTATTTTCA	1800
45	GATATTTATT CTTAAGTATC TTATTATTAC TTCTTTTTAA CGCTAGTGGA ATAATTAATA	1860
	ATAATTGTAT TTAAATGCAA TGCTGTTGTT CTTTCATACT TACAAGCAAG TCATAAGAAA	1920
	TGAGAAATTA AATTCTTATA TGATGAATAA ATGATGACTG CAGAAGAAAT TGCTAAAAAA	1980
50	GGAGTGGAGT GAGGCATTCT ACTGTTTATA TTGTTAACAA ATATCAAAAT GATAGGAACT	2040
	TGAAGAATCT AAGACTGTTA AAATCGAGAC AAGAAGAAAC TCGTTCCAAA TTTGAATCCT	2100

55

AAAACTTCTA TCACGAACGC TTCAATTTC TGTATGCGTG TGATAGAAGT TTTTATTTTT 2220
 GTTCATATTA ATTTATCTAA GCGCTACGAT GGaCTGACTT AAACTTTCT TTAATAATCGC 2280
 5 TATTCGCCAT TTACTATTGT TGTCTAATTT CTTGTAAAAAT ATGTTCCGCT GCTTGTGTAT 2340
 TTGCACGGGG TTCTTTTTTC AAAGCTTCAG CTACTTTAGC AATTTTCATCA CCTTTTGCCC 2400
 10 CTACAACGAT AGCTAATGAT TTATATTGTA AACTCATATG ACCTTGTGTA ATACCTTCTG 2460
 ACACAAGCGC GCGACATGCT GCAAAGTTTT GCGCTAAACC AACGGCAGCA ACTACATGAC 2520
 CTAATTCCTG TGCTGACTCT ACATTTAGTA GCTCTAATGA AGCTTTAGCA ATTGGTAATA 2580
 15 CTTTTGTACC ACCGCCAACG ATTGCCAATG TCATAGGCAC TTCAATTGTA CCAATCAATC 2640
 GTTGACGATC TTGATCGTAA CGCCATGTAG CAATACCAG ATACTGTCCG TCACGACTCG 2700
 CGTATGCATG CGCACTTGCT TCTGCACCAC GCGTATCATT TCCTGTTGCT AAAACAACAG 2760
 20 CATGTATGCC ATTCATAACA CCTTTATTAT GTGTTGCTGC ACGATGAATA TCTACTTGGG 2820
 CCAATACAGA AGCACGTTCC ATTCGTTTGG CAACCTCTTC TCCAGTTCTC TCGCCCCTTG 2880
 CTAAATCTTT AACATCAATT TCGCCTTGAA CTTTAAACAAC GGACGCTGTT GCATGATTGG 2940
 25 ATAAATACT CATTAAAATG TCGCTTTGCG GAAATTCATT TTTTAAAAAT GCAGTTATGG 3000
 CCTCTAAAAT CGTATTAAGC ATATTAGCGC CCATAGCATC TTTCGTATCA ACAAATACTT 3060
 30 TTAAAGATAG TAACTGTTGC TCAGGAAATG TATCAATCGC TATACGTTGG TAACCACCAC 3120
 CACGCGCTTT AATAGAAGGA TATGCCTCAT CCGCAATTTT ATGAATTTGC TTTTCTAAAG 3180
 CTTTAATGTC TGCTGATAAT TTTTCAGTAT CGTCAACGCC ATCAAAGACG ATTTGACCTA 3240
 35 TCATAATACG TTCAGAAGAT ACCGTTTAA ATCCGCCAGT CTGATTCACT AGCTTTGCAC 3300
 CATAACTAGC TGCAGCGACA ACTGAAGGCT CTTCACCAT CATAGGTACA ACATATGCCT 3360
 TATCGTCCAC AATGATATTC GGTAAATAATC CAACGGGTAA TGCACCTTGC GCGATGACAT 3420
 40 TTTCAATTAA ACTATTGGCT ACTTCTTCAT CGATTAATGG ATGATTCAGT AAAATGTCGA 3480
 ATTGTTCTTC TGATAACCAT TGCTTATCAA CCAATTGTTG TAACTTTTCT TTACGAGATA 3540
 AATGTCGAAA ATTCTTATCT AAATTTTGCA TGGACGTACT CCTTTTACTT CACATAATTT 3600
 45 TTAACATTTT AATCACTACT ATTTTACCA CAAAATAACG TCATTCGTCT TAAAATTCAA 3660
 TTGAATAATT GTCGTTTTGA CTTTAAAATA AAACAAGGTA AATTAAAACG CTTACAAGAA 3720
 ACGACAAATC ATTTTAAAT TTAGTATATT TCTTTGTATA AAATTAGCAT ATTCTGATAT 3780
 50 GATACAAGTG TTGCTTTTAT AAATTTGAAA GGATGTAAAA CCTTATGACA ATAGGTATCG 3840
 ATAAAATAAA CTTTACGTT CCAAAGTACT ATGTAGACAT GGCTAAATTA GCAGAAGCAC 3900

55

	CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG	4020
	AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA	4080
5	AAGCAGCCGC TGTTCAAATT CACAACCTAT TAGGTATTCA ACCTTTTGCA CGCTGCTTTG	4140
	AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTTAG	4200
10	CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA	4260
	ATTCAGGCGG CGAGCCAACA CAAGGTGcTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC	4320
	CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTTCT	4380
15	GGCGTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA	4440
	TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG	4500
	ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT	4560
20	CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAACCTC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG	4620
	CTGTAGATTA TAACCGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA	4680
	TATCATTACT TGAAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG	4740
25	GCTCAGGTTC AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT	4800
	TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT	4860
30	ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTTGA CGAAGAACAA GATGCTGTTC	4920
	ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTTCGT GAATATCACA	4980
	GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTAAAACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC	5040
35	CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTAGTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA	5100
	ATTCATTATG CCTATTTGAC ACATTATTGA AGTTTTCCTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG	5160
	TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAACCTC	5220
40	TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTACC	5280
	GACAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC	5340
	CGCTTGGGCT GACATTTTTG GCTTGTTAAG CAGCTTGCCCT ACTTTTTTGG CAATAGCACC	5400
45	ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA	5460
	ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTACAGGA TTGTCACCTT TAAAATACGC	5520
	GTCTAACCAC TGTGTCGCCT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC	5580
50	ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAACAGC GGTCAGACTT ACCCCATCAC TCAAAAGTTC	5640
	CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTTC	5700

55

	ATAAGTCGTC AATTACGTAT ATAAACACGT AATACCAGCT ATCACTTTGC TGCAATATAC	5820
	AGTTACATAT CTTACTACAC GTGCTAACCT CTTACTTTGT AAACCAAATC TTAAATTAAA	5880
5	ATATTGAAAA TGCAATGAAT CCTTAATATT TTATTAAACC TATAATTACT TATTAAAAAT	5940
	AACACACAAT ATTCATAAAG TTTTAAAAAT ATTCTGTTTT ATCACCTACT ATTAGTGGAA	6000
10	AAGTACAATT GCAATTGTAT ATAGTTTGCA TAACGCTTCA AAAGTAATTT CTTTTTTGTT	6060
	TAGTTCAAAA AAATTTAGAG GTGATGTTAT ATGAATAACG GTTTTTTCAA TAGCGACTTT	6120
	GATTCAATTT TTCGAAGAAT GATGAAAGAT ATGCAAGGTT CAAATCAAGT CGGAAACAAA	6180
15	AAGTACTATA TTAATGGTAA AGAAGTTTCA CCTGAAGAAC TAGCGCAACT CACACAACAA	6240
	GGTGGCAATC ACTCTGCTGA ACAAAGTGCG CAAGcTTTTC AACCAAGCAGC ACAAAGACAA	6300
	CAAGGGCAAC AAGGTGGCAA CGGCAATTAT TTAGAACAAA TTGGTCGTAA CCTTACGCAA	6360
20	GAAGCACGTG ACGGTTTATT AGATCCAGTC ATTGGTCGTG ATAAAGAAAT TCAAGAACT	6420
	GCTGAAGTTT TAAGTAGACG AACTAAAAAC AATCCTATAT TAGTTGGAGA AGCTGGTGTT	6480
	GGTAAAAC TGCGATTGTTA AGGTTTAGCA CAGGCAATCG TTGAAGGAAA TGTACCAGCA	6540
25	GCAATCAAAG ACAAAGAAAT TATTTCTGTA GACATTTTCA CATTAGAAGC TGGAAACGAA	6600
	TATCGTGGTG CTTTTGAAGA AAATATTCAA AAATTAATCG AAGGTGTTAA ATCTTCACAA	6660
	AATGCCGTAC TATTCTTTGA TGAAATCCAT CAAATTATCG GTTCAGGTGC CACAGGAAGT	6720
30	GATTCAAGTA GCAAAGGGTT ATCTGATATT TTGAAACCTG CATTAAAGTC TGGTGAGATT	6780
	TCTATTATTG GTGCAACAAC ACAAGATGAA TATCGAAACA ATATTCTTAA AGATGCTGCA	6840
35	TTAACGCGCA GATTTAATGA AGTGCTTGTT AATGAACCAA GCGCTAAAGA TACTGTTGAA	6900
	ATTTTAAAAG GTATTGCGCA AAAATTGCAA GAACACCATC AAGTAAAATT ACCAGATGAC	6960
	GTATTAAAAG CATGTGTTGA CTTATCAATT CAATATATTC CACAACGATT ATTACCAGAT	7020
40	AAAGCAATCG ATGTGTTAGA TATTACAGCA GCACATTTAT CTGCGCAAAG TCCAGCTGTC	7080
	GATAAAGTTG AACTGAAAA ACGAATTTCT GAATTAGAAA ATGATAAACG TAAAGCAGTA	7140
	AGTGCTGAAG AATATAAAAA AGCTGACGAC ATTCAAAATG AAATCAAATC ATTACAAGAT	7200
45	AAATTAGAAA ATAGTAATGG TGAACATACT GCTGTTGCTA CAGTTCATGA TATTTAGAT	7260
	ACTATTCAAC GATTAACTGG TATTCAGTT TCTCAAATGG ATGATAACGA TATTGAACGT	7320
	TTAAAAATA TTTCTAATCG TTAAAGAAGT AAAATCATAG GTCAAGATCA AGCTGTAGAA	7380
50	ATGGTTTCAC GTGCAATTCG CCGTAATCGT GCTGGGTTTG ATGACGGCAA CCGTCCAATT	7440
	GGCAGTTTCC TATTTGTTGG CCCTACTGGT GTTGGTAAAA CAGAGCTTGC TAAACAATTA	7500

55

EP 0 786 519 A2

GACACAACAG CTGTTTCAAA AATGATTGGT ACAACTGCTG GTTATGTTGG TTATGATGAC 7620
 AATTCAAATA CGTTAACTGA AAAAGTACGC CGTAATCCAT ACTCAGTCAT TCTATTGAT 7680
 5 GAAATCGAAA AAGCAAATCC ACAAATTTTA ACATTGTTAT TACAAGTAAT GGATGATGGT 7740
 AATTTGACTG ATGGTCAAGG TAATGTCATC AACTTTAAAA ATACAATTAT TATTTGTACA 7800
 TCAAATGCTG GCTTTGGCAA TGGCAATGAC GCTGAAGAAA AAGATATTAT GCACGAAATG 7860
 10 AAAAAATTCT TCCGCCCTGA ATTCCTTAAC CGCTTCAACG GCATCGTTGA ATTCTTACAT 7920
 TTAGATAAAG ATGCATTGCA AGATATCGTC AACTTATTAT TAGACGATGT ACAAGTTACA 7980
 TTAGACAAAA AAGGTATTAC GATGGACGTT TCTCAAGATG CGAAAGATTG GTTAATTGAA 8040
 GAAGGCTATG ATGAAGAATT AGGTGCACGT CCATTAAGAC GTATTGTTGA ACAGCAAGTA 8100
 CGTGACAAAA TTACAGATTA CTATTAGAT CATACAGACG TTAAACATGT GGATATAGAT 8160
 20 GTTGAGGATA ACGAATTAGT CGTAAAAGGT AAATAACGAC ACTTTAACAT ATCGCGCATC 8220
 AAAAAATGAGC ATCAGGTCGC CCTTGCTGTG GCTCATTTTT TTAATTATTT CCCTGGAAAA 8280
 TGATTGCTG TGTGCTGTT TGTTCACAA CAATCACGAT TAATGTCACA TGTACCACAT 8340
 25 TTTCCTTGTT TTGAACGCTT GAAAAATTTT ACTAGTGTAT ATAAGGCATA TCCGAAAATT 8400
 GCTAAAAAAA TTAAATGTT AATAATGACT GACACTTTAA CCACTCCTTA AACAAATAAA 8460
 TGTCCGACTT GATAAAAAAT GAATGTTAAG ACATATGCAG TGA TAGAGG ATAGGCAACT 8520
 30 GCAAGTGCCG TCCATTTCCA TGAATAAGTC TCTTTACGGA TTGCTGCTAC TGTAGAAACA 8580
 CAAGGAATAT ACAATAGTAT AAATATCATA AATGCATACG CAGATAGCGG TGTGAATTGA 8640
 TTTTGAATCA CATTAAACAAG GCCTGCATCA CCTGATGAAT AGATAATCGC CATCGAACTT 8700
 35 ACGATAACTT CTTTTGCTAA AAATCCTGGC ACTAACGTAG CACCTGCTTG CCATGTTCCA 8760
 AATCCGAGCG GTTGCACTAA CATACCAAAG AACTACCAA CCATATGTAA AAACTTTGA 8820
 40 TTGATATTCA CATTGATACC ATGTGGTCCT ACATAACTTA ATAGCCAAAT GACTACTGAG 8880
 CCGCCAAAAA TAAATGTACC TGCTTTACGA ACAAAGCCCT TAGCCTTTTC CCAAGTACTA 8940
 CGCCACAACG TTTTAATGGA AGGCACACGG TATGTTGGCA ATTCCACAAT AAAGATTGCA 9000
 45 TTATCATTTT TTAAATCGT CTTAGTAAGT ACTGTACTGA CTAAAAATGC CATAATAATA 9060
 CCTAAAACAT ACAGGCTTAA TACTACTAAA GATTGATTCT CTTTGAAAAA GATACCTACG 9120
 AACAAACGCAT AACTGGCAG TCTAGCAGAG CATGACATGA ATGGTGCAAT TAATATCGTT 9180
 50 GTTAAACGCT CTTTTTCATT TTCAATACTG CGCGCAGCCA TAATACTCGG TACATTACAA 9240
 CCAAATCCGA TAATCATTGG TATAAAAGAC TTCCCGCTTA AACCGAACGA TTCCATAATA 9300
 55

EP 0 786 519 A2

AAAAAGAGCA CAACAATTTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG 9420
 CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC 9480
 5 ACACTATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA 9540
 ATCCATGTAA ATGTAGTTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT 9600
 ATATATTTAT GTGTTAATAT CTGTCTATT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT 9660
 10 GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC 9720
 TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCACGTAA ACTCGACAAT 9780
 TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTTATTTAA TAAGAATTGA 9840
 15 ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTTGACAC 9900
 ATATTTTTAA TTGTCTCTTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAAATG CGGTTGATAC 9960
 20 CCTTCCCCTA GATGCTTTAT TTCGCCAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC 10020
 ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTTAACTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTTATC 10080
 CCGCGCTTG TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT 10140
 25 AACAAATTGA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG 10200
 ATTCCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCACTA CAGTTTCATC TTTAGAAATC 10260
 GCGGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC 10320
 30 CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT 10380
 AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTT CTAAAATACA ATAATTTTCC 10440
 ATTCGTCCCG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA 10500
 35 ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG 10560
 TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCAAAGG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG 10620
 CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTC ACCATTTTTA ATGTTTAACA 10680
 40 TACTATTTTG CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCTTA 10740
 AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTCATGTAA AATTTGTGAC 10800
 45 ATTGCAAAAA TGT 10813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6804 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATTA GCAGACATTT TACGAGCGAA TGGTTTCAAA GTGTTTGGTC CAAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA ATCGAAGGCT CAAAATTATT TGCTAAAAAG ATAATGAAA AATATAATAT	120
	TCCAAC TGCT GATTATAAAG AAGTTGAGCG AAAAAAGGAT GCTTTAACAT ATATTGAAAA	180
10	CTGTGAATTG CCCGTTGTTG TCAAGAAAGA TGGGTTAGCT GCTGGGAAAG GCGTTATTAT	240
	TGCAGATACT ATTGAAGCAG CCAGAAGTGC TATTGAGATT ATGTATGGTG ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT GTATTTGAAA CGTTTTTAGA AGGTGAAGAG TTCTCGCTAA TGACATTTGT	360
15	TAATGGTGAT TTAGCAGTAC CTTTCGACTG TATTGCACAA GATCATAAAC GCGCATTTGA	420
	TCATGATGAA GGACCAAATA CTGGTGGTAT GGGGGCTTAT TGTCmgTAC CACATATTAG	480
	TGACGATGTT TTAaACTTA CAAATGAAAC AATTGCACA W CCCATTGCAA AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT TATCAATTCT TCGGTGTATT ATACATTGGT GCTATTTTAA CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA ATAGAATTTA ATGCCCCGTT TGGTGATCCT GAAGCTCAAG TATTATTAAG	660
	TGCGATGGAA AGTGATTTAA TGCAGCATAT TATTGATTTA GATGAAGGAA AACGTA CTGA	720
25	ATTCAAATGG AAAAATGAAT CTATTGTAGG GGTCATGTTG GCATCAAAAG GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA AAAGGGCATA AAGTAAGTGG CTTTGATTTA AATGAAAAC TTTTGTAG	840
	TGGATTAAAG AAGCAAGGTG ATACCTTTGT TACTTcAGGT GGTAAGTTA TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT GACAATGTAC AAGATGCACA GCGAGACGCA TACAAAAAAG TATCACAAAT	960
	ACAAAGTGAC CATTTATTCT ATCGTCATGA CATTGCGAAT AAAGCACTAC AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA AAATACTAAG aTTAGCTATG AACGAATCTA TAACGATAGA TTTTTCATA	1080
35	GCTTTTTTAG TTGTAGAGTC TAGGACATTG ATTTCTGTAC CAAATTTGTG ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA AAGAGGCGCC ACAACATGTT TGGATGAACA AAATAACATG TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGTT TAGTATGGAA TAAATGGTTT TCTTTTCTA TACAATGAAT TTCTAATTTA	1260
	GTATCTATAC AATTATGGAT AAAATTTAAC CTACACGACC AAGACGAACA TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG TAAGGTGATT GAACAATAAT ATGCCATAGT AATAATGGCA ATTAAACTA	1380
45	TAATAAAGAT TATATCTTTA TATGAGAAAG GTACGTTGTA ATAGTAAGTA CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC TTTGACTCC ATCGCAACTG ATAATTGATG TGCCTTTCTA ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG TATAATTAAA TGCTTAAATC GCTTTAACCC TCTATAATTT GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA GCGCATTTTT AAAGATCTGC GAAgcTGAt TAAAGAACTA ATCATTAAAG	1620
	GTATCATACG AATGGCAGCC ATGAATGCAT AAGCAACTTT TGATTTAACC TTAAATGTT	1680
55		

EP 0 786 519 A2

	ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA	1800
	TATGGATAAA TCCGAATTC AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA	1860
5	GGGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAACT	1920
	GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAAATA ACATTAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT	1980
	CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA	2040
10	TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATAC ATTTCGTATCA	2100
	CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTTAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA	2160
	ATTATTTTCAT CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG	2220
15	AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA	2280
	AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAgcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGGACCA	2340
	ATAGACAACCT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTA AATCTAAAAG TTTTAAAAGT	2400
20	TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAAATGAAT GTTAATTTCA	2460
	TCATAAACCG AATTTGTTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT	2520
25	TTTGCTGCAT GTTTAATTTT TGTTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT	2580
	TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTTTTAC CACTACCATT TGCCCCTGTA	2640
	ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTTGATTTA	2700
30	CCGCGAATAA TACGTCCATT TTTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTTGT TGGAAAGTCA	2760
	ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA	2820
	TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTTCAGGA CATTTCATCGG CAATGATATT TCCGTTATAA	2880
35	TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT	2940
	ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTTGCTTGA	3000
	ACATCTAACA TTGCTGTCGG TTCATCTAAA AACAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT	3060
40	TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTTCATCCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG	3120
	GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT	3180
45	GGTAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTTCTTCGT ATACTTTTGG CATACAAAAC	3240
	TGGCTATCAG GGTCTTGGA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT	3300
	TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTGAG AAGTGACTTT	3360
50	TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAAGT ACTTTTCTT TGTCTTGAAT AGTGATATTT	3420
	AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT	3480
55		

	ATTTTGTAC GCCTGTCTTA TCTAAAGCTT TTAATAAAAG GTAAGATAGG ACGCCGGCGA	3600
	CTACTGCACC ACTAATTAAT CTAAATACGA TGAATAATGT TAAGTTCCAA CCTGCAACTT	3660
5	CATTTAAATA ACCATAGAAA TAATCTATCG GGAAAGCCGC GATTGCTGTA CAAAAACCTG	3720
	CTAACATAGC TACCATAACT GAACGTGATT GATATTTAAA AATTGCAAAG ACAAGTTCAC	3780
10	ACGCTAAACC TTGTATAAAA GCGTAAACGA TTGTCGGAAT ATCGAAACGA CCCATAATGA	3840
	TAGTTTCGCC GGCACCTGCA GCAAATTCAG CCAGTAAAGC AATACCTGGT TTTGGAATAA	3900
	TTAGATAGCA GACAATCGCT GCCATGAACC AAACCCCGTT TGTTAATTGT TCGAGGTGAA	3960
15	GGCCTGTAGC TTGCACACCA TTGTAAACAA ACCACCATAA ATTGTAAATA ACTGCGAATA	4020
	CTACTGAAAT AAGTACGGTT ACTAGTATTT CAGATAGCTT TAAACCTTTT GACATTTTTA	4080
	CATCCTCCTA ATAAAAAAC GCACAACCAT CCATAGGAAA GTTATGCGTT CACAATATAT	4140
20	ATTAGTAAAA CATATGTATA GTAACACTTT CCTACGCTAG TTCAAGCTAG ATCAGGTTCA	4200
	AAGGGTTTGA GGGCAAGCCT CATCTCAGTA TAAACACCC CTAGTGTGTG CGATTTATTT	4260
	AATTAATTAT ACTGTAAGAC GTTTGTAAAC TTATGTCAAT AGGTTGTCTT CATGAAATTT	4320
25	CGTTTAATTC GATTTAAAT TTATAATATT AGCATTGGAT TTAAATTGAA GATGTAGTAG	4380
	GAATGTTAGT AATTAAAGAT ATAAAAATAT GTGACATGTA ATAATATTGA GCTGATAAAT	4440
	GAAGAGGGAT ACTTATCAAT CATACCTCTT TAACAACAGT GAAGAACCCG TGCATAATGG	4500
30	CTTACGAATT ATAGTTTATA AGGAAGAAGA GGGATACATG CGCCGAGCAC ATGCATAAAA	4560
	GCCCCTAACA ACTAAAAGTT GTAAGGAAGG AGAGGGATAC ATGCGCCGAG CACATGCATA	4620
	AAATCCCCTA ACAACTAAAA GTTGTAAAGG GATTTAAATT AATTAGTGT ATCTTGATA	4680
35	TCTTGTTTTG kTTGaTTAAT ATCTTCTGTT TTTTCTTCTT TTTTATCTTT TAATTTTTCT	4740
	TCAACTTCTT TAGCTTTTTC TGCTGCTTTT TTATTTTGAT TTTCATTAGA CATGATTAAT	4800
40	TCCTCCCAAA TTGATAAAT ATTTATATAT AAATCTTACC CGGTGTACT TTCGTTAAAC	4860
	TTTCTAAGT CTATAGCACT ATTTATTCAT TTATCTAAAG ACAACAACAT TAGATTAATA	4920
	TATAATGATT TTGAGGTGAA CATAATGTCT TTTCTTAGGA AACACGCCGA AATTATTTTT	4980
45	AGCTATTTAA TCGGTmWCGT TcACTCTTCA CTGGkcTCAT TATTTTAATT AACTTGCCAT	5040
	TAATTAAACA ATTAAATGGT GGTAATAAAG TTGATACACA TGTCATAAT GTGTGGGAAT	5100
	TTCTGAATGC ATTTTTTCAGT GAAATTATTA AAGTAATGAG TCGATTTATA GGTAATTTCC	5160
50	CtATAGTTAG TGCAATTGTG ATAATTATAT TCGGTATTTT AGTTATGTTG ATTGGTCATA	5220
	CATTACTTAG AACTATTAAG TATGACTATG ATATTTCTAT CTTTTTCTTA GTTATCGGTA	5280

55

TTTTCATTAT TCCATTTACA ATTCATATAG GATATATCGT CTATAAAGAT GAATTGAATC 5400
 AGGAAAATGT AAAAAATCAT TTCATGTGGA TAATTGTGAG TTATGGTATA AGTTACTTAA 5460
 5 TTACACAAAT TGCATTGTAT GGCAGAATTG ATGCTAATGA AATAGAGTCA ATTGATATCT 5520
 TAAGTGTCAG TGCTTTCTTT ATAATTATGT GGTTACTTGG TCAAATGGCT ATTTGGAATT 5580
 TCTTGTCTTT GCGCCGAGCT TTACCTTTAA CAAAGCAAGA ATTAGGTGAA GAGGAGCCAG 5640
 10 AATTATCAAG AACAAGTAA GGAATGTCA CGAATCAAAC TAAAATTCAC TTGAAACAAC 5700
 TCCAAGATAA GACTACAGAA TATGCACGTA AGACAAGAAG AAGTGTCGAT TTAGATAAAA 5760
 TTAGAGCTAA AAGAGATAAA TTCAAAAAGA AAGTTAATGA TATTATCGAT ATTCAAGAAG 5820
 15 ACCGATATTC TGATTGGATG AGAAAACCGA AATGGGTAA ACCAATGTAT GTCGAACTAT 5880
 TTTGTGGTGT CGTCATCTTT TTATTCACAT TTTTAGAATT TAATAATCGT AATGCATTAT 5940
 20 TTGTATCTGG TGATTGAAA TTATCACAGA CACAATATGT TATTGAATGG GTTACATTAT 6000
 TAATTCTGTT ATTCATTATT ATCGCATATA TCGCTACAAC GTTAACCTTC CACTTGAAAG 6060
 GTAAGTTTTA TTATTTACAA TTATTTATGG GGAGCATTTT ATTCTTTAAA TTGTTAACGG 6120
 25 AATTTATAAA TATAATGATT CATGGACTAT TACTTTCAGT GTTCATTACG CCAACATTAC 6180
 TATTAATGTT ATTGGCAATC ATCATTCTCT ATTCTGTACA ATTACGAGAG CGACCATAAT 6240
 TAAAAGCATT ATAAAAGTAC TATCTATTAA ACATTTTGAT GTGTACGCTA TAAGTTAGAT 6300
 30 ATATCTCTAA CTTACTTAGA TACAGGTCAA TGAAGTTTAT GGATAGTACT TTTTTTGTA 6360
 CTAGATTTGA TTGATTCAGG TGATGTGAAT TAAGTATTGA TAATTGTATA CAAAGTTTTA 6420
 GTGCAAATAA AATAGTTGAA AAGTTATCCA TTTGTAAAAT CAAGAAACT AGTAAATAGT 6480
 35 TGAAGCGACT TATGGAATTT GCGAAACGAT ATATAGTATT TCCTTTGTAG AAATTTmACA 6540
 TATATCATTC AAATTACTAA TTTGTTAAAA TCAACAGTAA GATTAGAAGT AGATGATATT 6600
 GAAATTTGGC AAACAaTTTA ATCTATATAA AACTACAACG AAACACAGAA AGGAAGTTGT 6660
 40 CAGATGAAAA TAGCAACTCT GAACAAAGGC AAAGAAACAA AATATTTTAA TGGATATCCT 6720
 TTAATTGAAG AAGAGGATAT CTATTCACAA GATCATTTAA AAGAAGGAGA TATTTTCAA 6780
 45 ATTTGTGACTG ATAAATCACA ATAT 6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1717 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366:

	aaaAGAGACG CATTaAAACA AGCTATACAA ATTATCGATA AATTAACATG GGGTGTTTAG	60
5	TGGTGGTTAA AGAAATTTTG AGACTATTAT TCTTACTAGC GATGTATGAG CTAGGTAAGT	120
	ATGTAACCTGA GCAAGTATAT ATTATGATGA CGGCTAATGA TGATGTAGAG GCGCCAAGTG	180
	ACTTTGAAAA AATCAGAGCT GAAGTTTCAT GGTAATAGCT ATTATCATT TTGAATTAAT	240
10	TATAITTAATG TGTGTAGCAA TAGCACTGGA GGTGTTGTAA ATATGTGGAT TGTCAATTCA	300
	ATTGTTTTAT CTATATnTTT ATTGATCTTG TTAAGTAGCA TTTCTCATAA GATGAAAACC	360
	ATAGAAGCAT TGGAGTATAT GAATGCTTAT CTTTTCAAGC AGTTAGTAAA AAATAATGGT	420
15	GTTGAAGGTT TAGAAGATTA TGAAAATGAA GTTGAACGAA TTAGAAAAAG ATTCAAAAGC	480
	TAAAGAGAGG CGTTGGCTTC TCTGCTCTAT CyAAAATAAT GAAAGGAGCC saACATGTTA	540
20	GaCmAAGtCA CTCAAATAGA AACAAATAAA TATGATCGTG ATGTCTCATA TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT TATCTACACA TTGGACTAAT CACAATATGG CTTGGTCTGA CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC AAACAGTTAG AACTAAAGAA GATTAACTG AGTACAATAA AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG CCGATATAAA AGATGTTGGC GGATTTGTCG GTGGATATTT AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG CTGGTCAAGT CATGAATCGT TCAATGCTAA CACTTGATAT CGATTATGCA	840
	GCCCAAGATA TGA CTGACAT ATTATCTATG TTTTATGATT TTGCATATTG TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC ATAGAGAGAT AAGTCCAAGA CTGCGTTTAG TGATTCCTTT AAAACGAAAT	960
	GTAAATGCAG ATGAGTATGA AGCTATTGGG CGTAAAGTCG CAGATATCGT TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG ATACAACCTA TCAACCACAT AGGTAAATGT ATTGGCCTTC AACTAGTAAC	1080
35	GATGCGGAAT TTTTCTTTAC CTATGAAGAT TTACCTTTGT TAGACCCAGA TAAATATTA	1140
	AATGAATATG TTGATTGGAC TGACACATTA GAATGGCCAA CGTCTTCAAG GGAAGAGAGT	1200
40	AAGACTAAAA GATTAGCAGA TAAGCAAGGC GACCCAGAAG AAAAGCCGGG AATTGTTGGT	1260
	GCATTTTGTA GAGCCTATAC GATAGAAGAA GCTATAGAAA CTTTTATTCC TGATTATAC	1320
	GAAAAACATT CTACTAACCG TTATACCTAT CATGAAGGTT CAACTGCAGG TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA ATAACAAGTT TGCCTATTCT CATCATAATA CGGATCCCGT AAGCGGTATG	1440
	CTTGTTGAACA GTTTTGATT AGTACGCATA CACTTATATG GTGCTCAAGA TGAAGAACT	1500
	AAAACAGATA CTCCGGTTAA TCGACTACCT AGTTATAAAG CAATGCAGCa AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG TTGTTAAAA GCAATTAATT AATGACAAAA TGTCTGATGC AATGCAGGaT	1620
	TTCGATGAAn GAGAAAATAG CGATGATGCA TGGTCTGACA CGTTnGAAAT TACTTCGAAA	1680

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1847 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTGCGGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa	60
CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC	120
ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA	180
TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTGCG AAAGACTTAA	240
ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTACTGTG GGCATTGGTT CTAATATGTT	300
ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG	360
CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTcmGC CctTGCGAGA TTTTGGGGT	420
ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA	480
GCGAAATATC CATATAAAIT TTTAAAAAAA GAGTTCGGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT	540
CTACATGCGA ATGGGATAGA TCAGAGTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA	600
TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA	660
ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA	720
ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG	780
AAAGATCCAA CAAACTTAGA AAAAGATATT TATAAAGTAG TAATGCATTT CGCAGATAAA	840
TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTACG CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT	900
GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC	960
TAGCTAAAC GATAGACCAA TTACATTTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG	1020
TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTAAATGGCT GGACATAAAA	1080
TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA	1140
AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATAA TATCTAAGAA TACATGGAAT	1200
TTATCAAAAG AGACTTAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAT	1260
ACCGCGTTCT CGGTCACTAG GGTTTTGAAG ACTAATTTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC	1320
GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAAACTCA GGATATAAGT	1380

TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560
 5 TTTTAGCTGT CGAATCATTT CTAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620
 CATTTGTGCA TTAATACTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680
 10 ATTAATAAAA TGATGTTCTT GACCGTTCTT TTGACTAACA TGAATAAAC TAGATGCAAC 1740
 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGCTTGT TACGTAGTCG TGTCTTCAG CAGTAGTTAC 1800
 AATAAATTTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 494 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

25 AACAAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60
 AATTGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATTCATAA 120
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180
 30 CCCCATTAA TTTTAAATT TGTTTTTACA TCATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240
 TAAAGGCAAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAACTAT TTATCAAAAA TAAACGTATC 300
 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTC AACAAGTTTG 360
 35 TCACTATCTA TTAAATAATC ACGCATGCAT CCTTTTAAGA AATCATCTTT ATAACCTGGT 420
 GTGTACCATT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480
 40 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2518 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

50 GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTa AATCTACTTC 60

EP 0 786 519 A2

	GATAATTTCh	AATGTAGCGA	CCATCATTAC	GAGATGATTT	GATATAAGCA	CAGTTTGGAT	180
	GTTGACCAAT	ACTATCGCCT	TCTTCTTCGA	TGATATCTAT	TTTAATACCA	TCATCAGCTG	240
5	CAATTTCTAA	TGAAGATTTA	ATTCGGTTAT	CAAATGTTGA	ATATCCCATT	GCTCCACCCA	300
	CAATAGCGAC	ATCTGTACCA	TGTCCTTGGT	GTGTTTGAGC	AAATGATTCA	TAATAATGTA	360
	TTTCAATATT	TTTAGGAATA	TCTCCCAATA	TTGCGCGTGC	TGAATTCCCA	ATCTTTACTG	420
10	CACCAGCCGT	ATGAGAACTT	GAAGGGCCCC	TCATAACTGG	TCCGATAATA	TCGAAAGCAC	480
	TTTGATAATC	ATAGCTCTTT	GCCATAATTA	AACACTCTCC	TTAATATGAT	TCTTTTGCT	540
	CGGCATTTTA	AAGTTGATAT	TCATTAAATT	AACTTATTA	ATTAGTGTTT	CAATAATATA	600
15	GGCTAAGACA	ATGCTGACAA	TAATCACTGT	TGCGATTGTT	ACAATTGATG	TCACTGCATT	660
	ATTAAAGCCA	AACAATACGA	TGGCGCCTGC	AATTGGTGTT	GCCATACCTT	TGACACCTAT	720
20	TACTAGTCCG	CTAAATGTCA	CGATACATGC	GTTGACGACC	CCAATCAGTG	CATTTGTACC	780
	ATATAGTTGT	ACTGGATATT	GCGCTATTAA	ATCAATTTGC	GTCAATGGCT	CAATACAAAC	840
	TGCAAAATGCT	TTTGACGGTC	CACCAATGTT	TAATTTTCGG	AATAAAATAA	GGTTAACAAA	900
25	TGAGCTACCT	GTACATGTTA	GTGCTCCAAT	AGCCATAGGA	ACACCTGTCA	GTCTAATAA	960
	ACTTGTTAAT	ACCATTGAAC	TTAGCGGTGT	CATACCTGTA	ACAGGAATCA	CTAGTCCTAA	1020
	AATGACCGCT	AATGCATATG	GATTGTTATC	ACCTACCGCA	GTGACAGCAC	TACCTATTTG	1080
30	TTTTAATGTT	GCTAGCACAC	CAGGTGTAAT	GATTGATGCA	AGTCCGAAAG	CAATTGCTGG	1140
	TGCAAAIAAG	ATCACCACAA	TTAAGTCCAA	GCCTTCTGGA	ACTTTCTTTT	CAATCCATTT	1200
	AATTAIAAAA	GcTACGCCAT	AAGCTGCGAT	GAATGCTGGT	AATAATTTAA	AGTCATGTAA	1260
35	TACTAAACCA	ACAATGACCG	CAAATACTGG	TGCAACGCCT	AAGTTTAAGC	ACGTTAGAAT	1320
	ACCTACTGcG	ATACCGCTTA	AACCTCCTGC	TAAATCCCCA	ATATCTTGTA	GAAATTTAAT	1380
40	ATCAAATACG	CCACCAATAG	CATAACTTAA	GAATGCTTGT	GGTAGAAATG	TCGCACAAGC	1440
	TGCACCGGAT	AATGCTTGTA	GTCCTTGTTT	ACCGTACGGT	GCATACTTTA	AAAATAGCGT	1500
	CATGATCACT	AAAACCAAGA	CTAATGTGCC	TACACCTAAC	AGAATATCCA	TTTCCCAAAA	1560
45	ACCTCTCTCT	ATGTTTATTT	TATTTTCAGA	CCATAAACAT	CGTACACCCT	TAAGAAAACG	1620
	TTTTCAACTT	TTATCTGTTA	TCAAATCaAA	TATTTAAGTG	AAATATTTCA	TATTTGTGAA	1680
	AGATTTTTAA	AATGGATTGT	TTCAAAAACT	ACTTATGTTG	TCGTTAATAT	TTACTAATTA	1740
50	ACTTTTACT	CTATATTTCA	AACAGTTGTG	TGACAGTTTT	TTGATAACTT	TTTTACATCT	1800
	GAAAGTAAGT	AATATTTCTA	AAAACTTTTA	ATATTTATAC	ACTTTATCTT	TCGAGCTATT	1860
55							

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTtagTTT TCTGATAGGA 1980
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040
 5 AACAAATGGTT GGTtATACTG AAGATGAAAA TATTTAGTAT AACTTAGTGG AGGCGATAAA 2100
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTTGC AATTTCTATC TATTTAGCAC TTATCTTTAT 2160
 AACGTTCACT TCTTATTTAG TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220
 10 ACATTTCGTG TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAAA AACATTTGAG 2280
 TCTTCCTGAA ATCTCAITTA AATAGTTTAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340
 CGATTCATTT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTA TTTTCTCATT 2400
 15 TCACTCTTTC TAAAAAGTCG ATATAATGAA TTAAATCATT ATCATAcACC GACATATTTT 2460
 ATGTTGTTGG TGTTAAGTTT aaAGGGGTGA GATACTTGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 790 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

30 ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTTA TTGCAGGATT 60
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTCGAGATAT GGCATACAAT 120
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTTATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTAAATA 180
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300
 GCAATTGACA ATACCCCAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360
 40 ATGACAGATT ATTTTGTTGT AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAAACGTAT GGAAGGATAC 480
 AATGAAGCGC GTTGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540
 45 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600
 AGTCAGGTTG CGTATTAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660
 50 TGACTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTA CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1823 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

ATAGATGAAG GTGCAAAATAT TGAAaTAGGT TATTTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT 60
 GCTGATTAT TAACTAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAACG ACGATATGAC AGGAAGAACG 120
 TTAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA 180
 TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG 240
 AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA 300
 AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAACTAAT AACCGCAACT 360
 AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG 420
 GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAACG GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT 480
 ATACACATGG TGTCAATGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC 540
 TTCAAAATAG TAATGATTAT tTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG 600
 AATCAAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTACT TCATCTACTA 660
 TTATTTTAC TGACGAAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAAACAATC 720
 CACATGCGTA TGTGAAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT 780
 ATCAAACTGC TATTGAAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA 840
 GTGAATGGAT GATTCCCAAA ATAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGGAAA 900
 AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAAA TAAATTAAT AATAAAAATG 960
 TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTCCAAAG CATTTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT 1020
 ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAGT AATTCAAGAT AAAGTATCTG 1080
 CACCGGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAAACTGGA TGATAAAATG GCACAGAAAT 1140
 TAGGATTATC AAAAGAACT ATGGTAAGTC CTTTTATTAT TGATGCCCAT GCTAGTTTAT 1200
 TAGGTATTGG GTCTGAAAAA GATAAAGAAA TGACTATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC 1260
 ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG 1320
 CAATTATTC AGAATTATTT GCTTATGAAG CGGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTGTGTTG 1380

CTGTATTTGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA 1500
 TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT 1560
 5 GTATCTTTGG ATTAACCTTTA CAAACTAAGC ATGAGGATAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG 1620
 CTACaGCATT TGGTACTaAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGGaAGTAG 1680
 aAAAGGtATT TGCaTGTGGc gGTAtACcTA AAAAGAATGC TGTtATGATG GATATCTATG 1740
 10 CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTtTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCG 1800
 CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT 1823

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1600 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

25 ACGATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTtCaTATG tCcTaATAAC AAAAGAATAG 60
 GTTTTaAAAG ATATGCATAC CGTAATGaTA GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT 120
 ATGaATGTGA TGA CTGTTCA TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAAATTCGA 180
 30 AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTTTAAAGCC CAAATTAATC 240
 AAAAGCTTTC TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC 300
 TGTTTTTGGA TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGAATAAAT 360
 35 AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGATTa ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT 420
 CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT 480
 AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTTTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT 540
 40 TTTGTTATAT CTAATTCGTA ATTTATGATT GTTTATTTCG TCCTTTGATG TTCACTAAAT 600
 GTGACTTTAA ATCTTGTTCT AATTGTTGTA ATTCTTTTTC AGCTAATTGT CGTCTTCGC 660
 GACCGTGTG TTGAATAATT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC 720
 45 GTTTCaATGT ATCAAGATCA ACAATGCCAC GCTCATTTTC TGTTGCAGTT TCAATCGCAT 780
 TTtGTTTCAA CAITTCAGCA TTTGCTGTtA ATAAATCATT AGTTGTATCA GTGACAGCTC 840
 50 GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT 900
 TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA 960

AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGTTGAA 1080
 TATCCATTG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCATTTTC 1140
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGcT GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTTAAAT GTGTTTGATG 1260
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TGCGATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320
 10 GATTTTCATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAAATCTT TTTAACATAG ATGGTTTATC 1380
 AGTATTTAAC TCATTGGAT TAACTGACTT TAGTTTTGAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440
 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500
 15 CATTTGTTTC TGkAAATCAG AACCAAACGC TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CCTGTTTTTG TTGTTCAATT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1227 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:

30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCTTG 60
 aTAGTAAAC TGGTGGTTTA GTTGCTATAT CTGGTGACG TGATTTCAAA GACGTCGTTA 120
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTACCCTA CTGGTTCATC TTTAAACCT TTCTTAGCGT 180
 35 ATGGACCTGC CAITGAAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TGCGATTCAA GATGAATCTT 240
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300
 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTTAAAAGCT TGGCAATCAG 360
 40 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAACTT GGCTTAAACT 420
 ACGAAGCGCA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTCACCAA 480
 45 CACAATTAGC ATCAGCATTT GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATTT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780

AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTG TrGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT 900
 TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTAAACGTC 960
 5 CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA 1020
 CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AAACAGCAGT GGTACTGCAC 1080
 AATCAAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT 1140
 10 TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA 1200
 TTTTnTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG 1227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

15

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1953 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

20

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:

25 CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA 60
 TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTcATC TTCACACATG AyTCaATTGC AGTAGGTGAA 120
 GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG 180
 30 AATGTTATCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA 240
 TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA 300
 CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA 360
 35 GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTcAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT 420
 GCTAAAGATC TTGAAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT 480
 GCATTTGAAC AACAACTCTGA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA 540
 40 CGTGTTCGCA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT 600
 AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTTGGCGCA AGTGCACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA 660
 TATGGATTTA CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTATA 720
 45 AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTTGAAA 780
 TTTAGAGTAT AGCACTTAAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTTCA 840
 50 GATTAATCTT TAAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA 900
 TATTAATAA CTTGAATAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAAATTCAG 960

55

TGCATTAATT TTAGGTTTAA TTGGAGGTTT CCTTTTAGCT AGAAAATATA TGATGGACTA 1080
 CTTGAAGAAA AACCCACCAA TCAACGAAGA AATGCTTCGT ATGATGATGA TGCAAATGGG 1140
 5 TCAAAAACCT TCTCAGAAGA AAATTAATCA AATGATGACG ATGATGAATA AAAATATGGA 1200
 TCAAAATATG AAGAGTGC GA AAAAGTAAAT TCGCAATTGA TAGAGGCTAT TTTCCAGATA 1260
 TGGAAATGGC CTCTTTTAT AATCAAATTA ATAAGAATAA ATATGTTTAT TAAAATTAAA 1320
 10 GTTAACAAAA TGACGAATAG ACTGAGAAAT GCTATAATTC ATTTTGATG ATTTACAGAG 1380
 AGTTTATTTA ACGAGAAGGT GTCyGCGTGC TCTATTAAAT ATTTTCAATC ATTGTAGCTT 1440
 TATTTATGGG AACTATAGTT ATAGTTATTC GTATGAAAGC TCAAATTAT CCGGTAAAG 1500
 15 AGAAAAAAT AGTTTTGCCa CCgTTTTTTA tGGCgACCGG TGCATTGATG TACGTCGTTT 1560
 CaTATTTTAG GCTAACAGGA TCGGAAATGC TAGAAGCCTT TATAATTGGT TTGCTTTTTT 1620
 CtACAGTTCT AATTTGGA CTCTGATTTG AAGTCAAAGG TACAGAAATT TATATGAAAC 1680
 GATCTAAAGC ATTTCCAGTT ATTTTGATT CATTACTTAT CATTGCTACT GTGATGAAAA 1740
 TATTCATTAG TAATGAAATA GATCCTGGAG AATTAGGCGG CATGTTCTTT TTATTAGCAT 1800
 25 TCTGTATGAT TGTTCTTGG AGAGCAGCAA TGCTATATAA ATACAAAAAA CTAAAGAAAA 1860
 CATTAATCAA TTAATTACTT TTaAAACCAC TTGTGATCGA CTTCTAAATC AGTCAATGAG 1920
 TGGGTTTAAT nTTACTTGGA AAAGGnGGAA AGG 1953

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 375:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 375:

40 ACATTTGATC AAnTTATCGA CATTAAAGAT GAATTCAnTT GATCGTnTCA ATGATTATCC 60
 TGTGAAGTA GCACGTTTGC TTGATATAGT GGAmATaAAA GTACACGCAT TACATTCAGG 120
 45 TATCCACGTT GATTAAAGAT AAAGGGAAAA TAATTGATAT TCATTTATCT GTAAAGCCA 180
 CTGAAAATAT TGATGGCGAA GTGCTGTTCA AAGCAACACA ACCTTTAGGT AGAACAATGA 240
 AGGTGCGTGT TCAAATAAT GCAATGrCAA TTA CTTTAAC GAAACAAAAT CAATGGCTTG 300
 50 ATAGTTTGAA GTTTTTAGTT AAGTGCATTG AAGAAAGTAT GAGAATCAGT GATGAAGCAT 360
 AAAGAAGCAT TTAATGGCGT TGTCGTGTTA ACTGCTGCAT TAATTGTCAT TAAAATTCTG 420

	CAACAAGTGT ATCCAATTGT AGCATTAGGA ATGATAATTAT CGATGAATGC CATTCTTAGT	540
	GCAATTACAC AAAATATAGG GAAGTATCAT AGTGACGAAG CATATGCAAA AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT TAGTTGGTAT ATTATTATTT ATTGCTATTT TTGTGTTTGC GAACAATATT	660
	GCACATATGA TGGGTGATGG CCATTTAACA CCAATGATTC AAGCTGCAAG TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG GTATGCTTGG CGTGTTAAGA GGTTATTATC AATCTGCAAA TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA TTTCCAGGT TATAGAACAA GTTATACGAG TAGGTATTAT CATTGTTACT	840
	ATTGTTATTT TTGTAGACAG AGGTTGGACG ATATATGAAG CGGGAACAAT TGCTATTTTA	900
	GCATCAACGA TAGGTTTTTT AGGTTCTTCA ATTTATTTAG TAGCGCACCG ACCTTTTAAG	960
15	TTTAAAATGG TAAATAACAC TGCAAAGATC GTTTGGAAAC AGTTCGCACT TTCGGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA TCAGTCAATT AATCGTAATT TTATGGCAAG TGATTGATAG TGTTACTATT	1080
20	ATTAAGTCAC TTCAAGCGAT ACGCGTGCCA TTCGATGTTG CCATAACTGA AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG GTGCATCATT TATTCAGATG GGATTGATTG TAACTACAAC ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATTC CTCTGTAAAG TGACGCAATC AAAATGAATA ATCAGGTACT TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG CGTCATTAAA GATTACGATT TTAATAAGTA CAGCAGCGGG AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT TGCCTTTAAT GAACGGTGTG TTTTTTAAGA CGAATGATTT AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGTTT ATATGATTAC GGTCAATTTGT GTATCGTTAA TTATGATGGA TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC AACATGCTGT GAGACCTATT TTTGTTGGTA TGACGGCAGG ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC TTAATATCAT TTTGATTCGT TTAAGTGGCA TTATTGGTGC GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT CATTAATTAT ATTCGGTACG ATTATCCATA TTGCTGTCAC GAGAAAATAC	1620
35	CAC TTATATG CGATGAGACG ATTTTTTATC AATGTTGTTT TAGGTATGGT ATTTATGTCG	1680
	ATTGTTGTTT AATGCGTGT AAACATAGTG ACAACACACG GTAGAATCAC TGGACTCATT	1740
40	GAATTATTAT GTGCAGCAGT ATTAGGTATC ATTGCATTGT TTTTCTATAT TTTTAGATTT	1800
	AATGTTTTGA CATATAAAGA GTTAACCTAT TTACCATTTG GTTCAAAGTT GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA GACGTTGATG GCACATACCA TTACGATTGT TGGCTTAGGA AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT GCCGCTAGGG ATATATAAAT TTTTAAAGAC ACAAGATAAA GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA TCATCCAGTT ATAGAATCAT TGCAAGATGA ATTAACATTT CAGAGTTTTG	2040
	ACCATGTTTA TGAAGCACAT AACCAATTTG AAGATGTCTA TATTGATATT GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC TGCTAATGAA AAAGATATTG TCTATGCGGT TCCGGGTCAT CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC TACAGTGAAA TTAGTGCTT TAGCAAAGGA CAATACTGAT ATAGATGTGA	2220

55

EP 0 786 519 A2

ATGATGGCTT CACACTGTTA GATGCGACAT CATTACAAGA AGTAACACTT AATGTTAGAA 2340
 CGCATACATT GATTACGCAA GTTTATAGTG CAATGGTTGC TGCTAATTG AAAATCACTT 2400
 5 TAATGGAACG ATATCCTGAT GATTACCCTG TTCAAATTGT CACTGGTGCA CGAAGCGATG 2460
 GTGCGGATAA CGTTGTGACA TGCCCATAT ATGAATTGGA TCATGATGAA AATGCATTCA 2520
 ATAATTTGAC GAGTGTATTC GTACCAAAAA TCATAACATC GACATATTTG TATCATGACT 2580
 10 TTGATTTTGC AACGGAAGTG ATTGATACTT TAGTTGATGA AGATAAAGGT TGTCCATGGG 2640
 ATAAAGTGCA AACGCaTGmA AcgCTAAAGC GTTATTTACT TGAAGAAACA TTTGAATTGT 2700
 TCGAAGCTAT TGACAATGAA GATGATTGGC ATATGATTGA AGAACTAGGA GATATTTTAT 2760
 15 TACAAGTGTT ATTGCATACT AGTATTGGTA AAAAGAAGG GTATATCGAC ATTAAAGAAG 2820
 TGATTACAAG TCTTAATGCT AAAATGATTC GTAGACACCC ACACATATTT GGTGATGCCA 2880
 ATGCTGAAAC TATCGATGAC TTAAGAAGAAA TTTGCTCTAA GCGGAAAGAT GCTGAAGGTA 2940
 AACAGCCAAG AGTTAAATTT GAAAAAGTAT TTGCAGAGCA TTTTTTAAAT TTATATGAGA 3000
 AGACGAAGGA TAAGTCATTT GATGAGGCCG CGTTAAAGCA GTGGCTAGAA AAAGGGGAGA 3060
 25 GTAATACATG AGATTAGATA AATATTTAAA AGTATCACGG TTAATAAAGC GACGTACGCT 3120
 AGCAAAAGAA GTAAGTGATC AAGGTAGAAT TACAATAAAT GGTAATGTTG CTAAAGCTGG 3180
 ATCGGATGTT AAAGTTGAAG ATGTGCTGAC GATTCGCTTT GGTCAAAAAT TAGTAACAGT 3240
 30 TAAAGTAACT GCATTAAATG AACATGCATC TAAAGATAAC GCGAAGGGTA TGTATGAAAT 3300
 CATGAAGAG CGTCGACTTG AAGAAGCGTA AATTGGAGGT GACAAGCAAT GAAAAATAAA 3360
 GTAGAACATA TAGAAAATCA GTACACGTCG CAAGAGAACA AGAAAAACA ACGTCAAAAA 3420
 35 ATGAAAATGC GTGTTGTTcG TAGGCGTATT ACAGTATTTG cGGGCGTATT aCTTGCGATA 3480
 ATTGTTGTTT TATCaATCTT GCTTGTTGTC CAAAAACATC GCAATGATAT TGATGCACAG 3540
 GAGCGAAAAG CGAAAGAAGC ACAGTTTCAA AAGCAACAAA ATGAAGAAAT TCGGTTAAAA 3600
 40 GAAAAGTTGA ATAATCTGAA TGACAAAGAT TACATTGAAA AAATTGCGCG TGATGATTAT 3660
 TACTTAAGCA ACAAAGGTGA AGTGATTTT AGGTTGCCAG AAGACAAAGA TTCGTCTAGC 3720
 45 TCAAAATCTT CGAAAAAATA AATCCAAATT GATTCAAAAT TATCCGAGTA TAGACATTGT 3780
 GAAAAAA 3787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 376:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1644 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATT	CAA	ACTGAGG	AAC	GCA	AAGA	CGG	sACg	TTT	CCAGATT	TTAG	AAGTATT	TAA	60	
	AAATGAAT	G	GATTTAAG	CT	ATGACATA	AC	GTCAC	TTT	TAT	ACTTTTA	AAGC	AACCTG	TATC	120	
	ACCACAC	CTT	GCATTTAAAA	TGACAGAT	CA	AATTTTT	CTA	AATAAGC	CAGC	GTGTATT	AGA		180		
10	TAAGGTAAA		GTTT	TAGATA	AGGAATT	TGA	TTTTAT	CTTA	ATTGAGG	GTG	CTGGGGGA		240		
	TGCCGTAC	CA	ATATATGA	AG	GTACAGAT	GA	TTTCTAC	ATG	ACTAAAG	ATC	TAATCAAT	GA	300		
	TTGTGCAG	AT	TGTGTCAT	CA	GTGTGTT	GCC	ATCAAA	ATTA	GGTGCT	ATTA	GCGATG	CCAT	360		
15	TGTTACCA	CAA	GATTATGT	TAT	ATCAGAAT	GT	ATCGG	CAGT	AATTTTT	TAA	TAATGAAT	CG	420		
	CTATACAG	AC	AGCTATAT	TG	AAAAAGAC	AA	TCAAATG	ACG	ATTGGAA	AAT	TAACAAAT	AA	480		
	AACAGTCT	AT	ACATTTGA	AG	AACATGCC	AC	GTATGAA	AAT	TTCTCAG	AAG	CATTTTT	TAA	540		
20	ACAATTA	ATA	GGAGTTAAA		ATGAATT	ACA	CACAACA	ACT	TAAACAAA	AA	GA	CTCAGA	AT	600	
	ATGTTTG	GCA	TCCATTT	ACA	CAAATGGG	GTG	TATATAG	CAA	AGAAGA	AGCA	ATCATCAT	TG	660		
25	AAAAAGGA	AAA	GGTAGTT	AC	CTTTACG	ATA	CGAATGG	CA	A	TAAATATT	TA	GATGGTT	ATG	720	
	CATCGTT	GTG	GGTCAAT	GTG	CATGGTC	ATA	ATAACAA	ATA	CTTnA	AATAAG	GTAATT	AAAA	780		
	AGCAACT	CAA	TAAATTT	GCC	CATTCTAC	GC	TGCTAGG	ATC	ATCAAAT	ATT	CCGTCAAT	AG	840		
30	AACCTGCG	GA	AAAATTA	ATC	GAAATCAC	GC	CAAGTAAT	CT	AAGAAA	AGTA	TTTTATT	CTG	900		
	ATACAGGC	CAG	TGCGTCT	GTT	GAAATCG	CAA	TAAAGAT	GGC	ATATCAG	TAT	TGAAAAA	ATA	960		
	TTGATAG	AGA	AAAATAT	GCC	AAGAAAA	ACA	AGTTTATA	AC	GCTAAAT	CAC	GGTTATC	ATG	1020		
35	GGGATAC	GAT	TGGTGCG	GTA	AGTGT	TGGT	GTATCA	AGAC	CTTTCATA	AAA	ATATTTAA	AG	1080		
	ACTTAAT	ATT	TGAGAAT	ATT	CAAGTAG	AAA	GCCCATC	TTT	CTATCGC	AGT	AATTACG	ATA	1140		
	CTGAAAA	TGA	AATGATG	ACA	GCTATTT	TAA	CGAATATA	GA	GCAAATT	CTA	ATTGAAAG	AA	1200		
40	ATGATGA	AAT	CGCAGGG	TTT	ATATTGGA	AC	CGTTGATT	CA	AGGTGCG	ACA	GGCTTG	TTTG	1260		
	TTCATC	CTAA	AGGCTTT	TTTG	AAAGAAG	TCG	AGAAAT	TGTG	CAAAAAA	TAC	GATGTCT	TAT	1320		
45	TAATTTG	TGA	TGAGGTAG	CA	GTTGGTT	TTTG	GGAGAACT	TGG	AAAGATG	TTT	GCATGCA	ATC	1380		
	ATGAAGAT	GT	TCAACCG	GAT	ATTATGT	GTT	TAGGTAAG	GC	GATTACT	GGT	GGCTACT	TAC	1440		
	CACTTGC	CAGC	TACATTG	ACA	TCTAAAA	AAAA	TATACAAT	GC	ATTTT	TAAGT	GATTCGC	ATG	1500		
50	GTGTGA	AATAC	CTTTTTCC	AT	GGTCa	TACAT	ACaCCG	GA	AA	TcGTT	TGTa	CGGTT	G	1560	
	cATTa	GaAAA	TATaAGa	CTT	TATGa	AAAAAC	G	TaAGT	tnAT	TGTg	CACATa	TTGa	AACGa	C	1620

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 377:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTtA aAAATCATTa AGTTAAGGTt GATACACATC TTGTCATATG ATCAAATGGT 60
 TTCGCCAAAA ATCAATAATC AGACAACAAA ATGTGCGAAC TCGATATTTT ACACGACTCT 120
 CTTTACCAAT TCTGCCCCGA ATTACACTTA AAACGACTCA ACAGCTTAAC GTTGGCTTGC 180
 CACGCTTAC TTGACTGTAA AACTCTCACT CTTACCGAAC TTGGCCGTAA CCTGCCAACC 240
 AAAGCGAGAA CAAAAATAA CATCAAACGA ATCGACCGAT TGTTAGGTAA TCGTCACCTC 300
 CACAAAGAGC GACTCGCTGT ATACCGTTGG CATGCTAGCT TTATCTGTTC GGGCAATACG 360
 aTGCCCAT TG TACTTGTGTA CTGGTCTGat ATCcGTGAGC AAAAACGGCT TATGGTnTTG 420
 CGAGCTTCAG T 431

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 378:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC GTATTATAAA TCGTTAAAAA TTTTGGTTGT GTTTGCGTCA CGTAGACAAC 60
 CTCCATAAAG TTA CTTAATC ACTCTCATCA TACAATAATT TTTACTCAA TTGGAAnAAT 120
 TATAAAAATT AAATATAGAT AGGCTTTGAA AATTAGTTT ATACAAGGTT AGTAGCTGTA 180
 ACTGTAAAAAT GTTCTTAATA TTGTCAAAAT GTAATGCTTG AAAGCGCTTT TAAAaAATAT 240
 TATTATATAC ATGGTTAGAC AAATAGACAA ATCACTATAC AAATATTGGG AGGAATATTT 300
 TATGAAATCA ACACCACACA TTAAACCAAT GAATGACGTC GAAATTGCAG AAACGGTTCT 360
 ATTGCCAGGA GATCCGTTAA GAGCTAAGTT CATTGCAGAA ACTTATTTGG ATGATGTGGA 420
 ACAGTTCAAT ACAGTGCAG AAATGTTTGG TTTTACCGGA ACATATAAAG GTAAAAAAGT 480
 TTCTGT CATG GGTTCAGGTA TGkGTATGCC ATCTATTGGC ATTTACTCTT ATGAATTAAT 540

CATTGATTTA TATGATGTGA TTaTTkCACA AGGTGCCTCT ACTGATTCAA ATTACGTTCA 660
 ACAATATCAA TTACCAGGTC ATTTTGCGCC AATTGCTTCT TATCAATTAT TAGAAAAAGC 720
 5 AGTGAAACA GCACGTGACA AAGGTGTACG TCATCATGTA GGTAATGTGT TATCAAGTGA 780
 TATTTTCTAT AACGCGGATA CAACAGCGAG TGAACGTTGG ATGCGTATGG GTATTTTAGG 840
 TGTAGAAATG GAATCaGCTG CaTTATACAT GaATGCAaTT TACGCTGGTG TCGAAGCATT 900
 10 AGGTGTGTTT ACAGTGAGCG ATCATTTAAT TCATGAAACG TCAACAACAC CTGAGGAAAG 960
 GGAACGTGCA TTTaCAGATA TGATTGAAAT TGCACGTGCA TTGGTGTAGA TGATTATGAA 1020
 TGTGAATAT TCTAAAATAA AGAAAGCAGT ACCTATTTTA TTATTCTTAT TTGTATTGAG 1080
 15 TTTGGTTATA GACAACTCAT TTAAATTGAT TTCTGTAGCC ATTGCTGATG ACTTAAACAT 1140
 ATCTGTAACG ACAGTAAGTT GGCAAGCGAC ATTAGCCGGT TTAGTAATTG GTATTGGCGC 1200
 TGTAATATAC GCTTCATTAT CTGATGCCAT TAGTATACGC AACTATTTTA TTTATGGCGT 1260
 20 GATATTAATC ATTATCGGAT CAATTATTGG TTACATTTTC CAACATCAAT TCCCATTACT 1320
 TTTAGTTGGA CGTATTATTC AACTGCGCG TTTAGCTGCT GCAGAGACAT TATATGTGAT 1380
 ATATGTTGCA AAGTATCTTT CTAAAGAGGA CCAGAAGACT TACCTGGCT TAAGTACGAG 1440
 25 CAGTTATTCC TTGTCATTAG TTATCGGTAC ATTATCAGGT GGATTTATTT CTACGTATTT 1500
 AACTGGACA AATATGTTTT TAATTGCATT AATCGTAGTA TTTACGTTGC CATTCTTATT 1560
 30 TAAATTATTA CCAAAAGAAA ATAATACGAA TAAAGCTCAT TTAGATTTTG TTGGCTTAAT 1620
 TCTAGTGGCA ACTATTGCTA CAACAGTCAT GCTGTTTATT ACGAACTTTA ATTGGTTATA 1680
 TATGATTGGT GCCTTAATTG CGATTATCGT TTTTGCCTA TATATTAAAA ATGCGCAACG 1740
 35 TCCATTAGTA AATAAATCAT TTTTCCAAAA TAAACGTTAT GCTTCATTTT TATTTATAGT 1800
 ATTTGTAATG TATGCTATCC AATTGGGTTA TATTTTACG TTCCCATTCA TAATGGAGCA 1860
 AATTTATCAT CTGCAACTAG ACACAACATC ACTGTTATTA GTACCGGGgT TaTATAGTAG 1920
 40 CAGTCATTGT TGgtGgCACT AAGTGGgTtA AAATCGGgCG rAATATCTGG AATTCCAAAA 1980
 CCAAGCGGAT TATCAGGCC AATTAA 2006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 379:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4858 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAAATGAC	120
5	ATTTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCATATT AATGATGAAA TTCGCTCGCG AATACACTCA	180
	TTAAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAAAATGA AACCTCATCA ATTCGAACAA TTATTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGGAATTGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCATTTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGA TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAAT CATTCAATTA AACGGAGGAT CGATTAAAAT TAAAAGTGAA	540
	ATTAACAAAG GAACAACGTT TAAAATCATA TTTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTGTACTC CCAAAATTTA CAATAAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTGATTCT TCTTTTTAGC AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTTAACAAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTTGA GGGTGTAATA TGAATAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTTAC AAGTCTTATT CAGCACAATT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAGC GTGTCATGCG	1080
35	TTTAATTGAT AATATTCGCC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAGG AAACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTT AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAAATCCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGGC ACTATTCAAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
45	GTTTGAAAAA TATCTTCATA AAAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAAAT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCACT TAACTGCTGG ATGGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

EP 0 786 519 A2

	AAGTCACTTG	GAAATTGTTG	CACCTGTTGT	TGAGGGGCGT	ACGAGAGCAG	CACAAGATGA	1860
	TACACAACGA	GCTGGGGCTC	CGACGACTGA	TCATCATAAA	GCAATGCCAA	TTATTATACA	1920
5	TGGCGATGCT	GCTTATCCTG	GTCAAGGAAT	TAACTTCGAA	ACAATGAACT	TAGGAAACTT	1980
	GAAAGGCTAT	TCTACGGGTG	GTTCAATTGA	TATTATTACT	AACAATAGAA	TTGGATTTAC	2040
	TACAGAACCA	ATTGATGCAC	GTTCAACAAC	TTATTCTACA	GATGTGGCCA	AAGGTTATGA	2100
10	TGTGCCAATA	TTCCATGTCA	ATGCAGATGA	CGTTGAAGCT	ACTATTGAAG	CAATTGATAT	2160
	TGCAATGGAA	TTTAGAAAA	AGTTTCATAA	AGACGTCGTT	ATTGATTTAG	TAGGTTATCG	2220
15	TCGTTTCGGA	CATAACGAAA	TGGATGAACC	ATCAATTACT	AATCCaGTTT	CTTATCAGAA	2280
	TATTCGCAAA	CATGACTCTG	TTGAATATGT	GTTTGGTAAA	AAGCTTGTTA	ATGAAGGTGT	2340
	CATTTCAGAA	GATGAAATGC	ATTCATTTAT	AGAACAAGTC	CAAAGGAAC	TAAGACAAGC	2400
20	TCATGATAAA	ATTAATAAAG	CTGATAAAAT	GGATAATCCA	GATATGGAAA	AGCCTGCAGA	2460
	TCTTGCATTA	CCGTTACAAG	CAGACGAACA	ATCATTTACT	TTTGATCACT	TGAAAGAAAT	2520
	AAATGATGCA	TTGTTAACAT	ATCCGGATGG	CTTTAACATT	TTGAAAAAGT	TAAACAAAGT	2580
25	TCTTGAGAAG	CGTCATGAGC	CGTTTAATAA	AGAAGATGGT	TTAGTTGATT	GGGCACAAGC	2640
	AGAACAACCTT	GCATTGCGA	CAATTTTACA	AGATGGTACA	CCGATTTCGT	TAACTGGTCA	2700
	AGATAGTGAA	CGTGGTACAT	TCAGTCATAG	GCATGCCGTG	TTACATGATG	AGCAAACAGG	2760
30	TGAAACATAT	ACACCTTTAC	ATCATGTTCC	TGATCAAAAA	GCGACATTTG	ATATACACAA	2820
	TTCTCCGCTT	TCAGAAGCAG	CAGTAGTTGG	TTTTGAATAC	GGCTATAATG	TGGAAAACAA	2880
35	AAAAAGCTTC	AATATTTGGG	AAGCACAATA	TGGTGATTTT	GCAAATATGT	CACAAATGAT	2940
	TTTTGACAAC	TTCTTATTCA	GTTCTCGCTC	AAAATGGGGA	GAACGTTTCA	GATTAAACATT	3000
	ATTCTTACCT	CATGCATATG	AGGGTCAAGG	GCCTGAACAT	TCATCAGCAA	GATTAGAGCG	3060
40	ATTTTTACAA	TTAGCTGCTG	AAAATAATTG	CACAGTTGTC	AACTTATCTA	GTTCAAGTAA	3120
	TTATTTCCAC	TTATTGCGTG	CACAAGCGGC	TAGTTTAGAT	TCTGAACAAA	TGCGACCATT	3180
	GGTTGTTATG	TCACCAAAAA	GCTTACTGAG	AAATAAAACA	GTTGCAAAAC	CAATTGATGA	3240
45	ATTTACTTCT	GGTGGATTTG	AGCCAATTTT	GACAGAATCA	TATCAAGCGG	ATAAGGTTAC	3300
	AAAAGTTATT	TTGGCAACTG	GTAATAATGTT	CATTGATTTA	AAAGAAGCAT	TAGCTAAAAA	3360
50	TCCAGACGAA	TCAGTATTAC	TCGTTGCGAT	TGAAAGATTG	TATCCATTCC	CAGAGGAAGA	3420
	GATTGAAGCA	TTACTAGCAC	AATTGCCAAA	CCTTGAAGAA	GTGTCATGGG	TACAAGAAGA	3480
	ACCTAAAAAT	CAAGGTGCAT	GGTTATATGT	CTATCCATAT	GTTAAAGTGC	TAGTTGCAGA	3540

55

EP 0 786 519 A2

AGAAATTCAT AAACCTGTTC AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAC TAGGG 3660
GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA 3720
5 CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATAGCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG 3780
AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTCGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG 3840
AACAACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA rGCAATTGCT ATCATCGGCG 3900
10 AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAAATGAAG 3960
AAACAAATAA TAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCGGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC 4020
AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGctACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC 4080
15 GTGAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG 4140
AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACAAACAA CAAGCATCTG 4200
20 CAAAAGAAGA GAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCGT GAAAAATGT 4260
CACGTAGAAA GAAACAGCT GCCAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT 4320
TAACAACATT TAACGAAtTG AcATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA 4380
25 ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TTAATAAGC 4440
TTCTGTAGCA GCTTTGAAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT 4500
GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT 4560
30 ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGcTAA 4620
TTTAGCAGTT AAAGCaCGAG AGAAAAAACT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT 4680
35 TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA 4740
TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA 4800
TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAGC TATGATCATA GAATTATT 4858

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 2222 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
45 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTAA AACAGTTCAT 60
TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATnATATT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC 120

55

EP 0 786 519 A2

	ATGCTATTTA GCTAAAGCTA AAAGACCAGA CACTATGCAT ATTTCAACTG GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA GTTGCAATTA TTGCCTGTAT GATTTGGTAC CTTAATAAAG CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT ATAATTATTG GTTTAATGAT TTCATATGTT GTAGTTATCA TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG AGCAAATAAA TTAAGAAAGA GGTGAGATTA TGGATCACAA ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA ATTTATTCGG TTTTGaTATC GTTTTCAATT TATCAAGTAT ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG cGTTTCTTGT TTTTCTACTT GcTATCATTT GTACGCGTAA TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG GCAAACAAAA TTTGTTGAA TGGATTTTIG ATTTCTGTAG GGAATCATT	600
	GAAGGTAACA TGGCTTGGAA AAAAGGTGGT CAATTCCACT TCTTAGCAGT AACGCTGaTT	660
15	CTGTACATTT TTATAGCTAA TATGTTAGGT CTTCCGTTTT CTATAGTAAC GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT GGAAATCACC GACAGCnGAT GCAACAGTGA CTTTAACGTT GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT TAACTCACTT TTATGGAATT AAAATGCGTG GTACGAAACA ATATCTTAAA	840
	GGTTATGTAC AGCCGTTTTG GCCATTGGCA ATTATTAATG TTTTGAAGA GTTCACTTCA	900
	ACATTAACGC TTGGTCTGCG TTTGTACGGT AACATAITTG CAGGTGAGAT ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG GCTTATTCTT TAACGAACCA GCATGGGGTT GGATTATTAG TATCCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT GGCAAGCATT TTCAATATTT GTAGGAACAA TCCAAGCATA TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTGA TGGTTTATAT GTCACATAAA GTGGCAGATG AACACTAAAA ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA TCACAGGAGG AAATTAAATT ATGAATTTAA TCGCAGCAGC AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG CATTAGGAGC AGGTATCGGT AACGGTTTAA TCGTTTCAAG AACAGTTGAA	1260
35	GGTGTAGCAC GTCAACCAGA AGCACGTGGT CAATTAATGG GTATCATGTT CATTGGTGTA	1320
	GGTTTAGTTG AGGCATTACC TATCATCGGT GTAGTAATTG CATTATGAC ATTTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG ATAAAAGAGG TCGGGACAAA GCGCATAGGA CATAATTCAT GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC TTTGAACTTT ATTAAATAGT TGAGATATGA ACGCACCATG CCTATCGCAT	1500
	AAATTCAGTA GGTCCTAACC TCGTCGTTTT TTTCTATATA AACTAGCGA TTATTTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG TCATGAACCC GTGACTGAAA CAGCTAACTT ATTCGTTCTT GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA GTGGGGTACT GTGATTGTAC AGGTCCTAAC TTTTCATCGTG TTAcTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA GTTCGCATGG GGTCCATTGA AAGATGTAAT GGATAAACGT GAAAGAGATA	1740
	TTAACAGAGA TATCGATGAC GCAGAACAAG CTAAGTTAAA TGCACAGAAA CTTGAAGAAG	1800
50	AAAATAAACA AAACTTAAA GAAACACAAG AAGAAGTTCA AAAGATTTTA GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC ACGTCAACAG CAAGAACAAA TTATTCaTGA AGCAAACGTA CGTGCAAACG	1920
55		

TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA 2040
 TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATIGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GGCGATAAAT 2100
 5 AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATgCTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA 2160
 TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAAC AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT 2220
 TG 2222

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 381:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1143 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACTATC 60
 TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTCATC GATTGTAAACA 120
 25 ATTATATGCA AGTTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTGTGTTT AATAGTATAA 180
 TAATCCATCC AATAAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTTGA 240
 CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA 300
 30 GTATCATCAA ATAATTCAAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT 360
 GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTCTA ATTAATTTAG GAGTGTTACC ATACGTTTCT 420
 TTAAAGAGGT GTATAAACG AGAATAATGA TTAAACCAT GACTACTTGC GATTCTTCA 480
 35 ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA 540
 TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA 600
 40 ATACTAACTT GATTAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTAAA 660
 TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT 720
 AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT 780
 45 TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTAAAT 840
 ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATTC ATAAACTTCA AAAATGTCTT TGCATTACT 900
 TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATTA CCATCAATTT GATACAAATC ATTCAACATA 960
 50 ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT 1020
 GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTtAAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA 1080

ATT

1143

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 506 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

15 GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC 60
 CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA 120
 TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC 180
 20 CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT 240
 ACTTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC 300
 GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA 360
 25 AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAATGAAG CTTTATGACC TTGTTTatGA 420
 AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCCCT GaTTTCyCyT GagGtAAGGk GaTTTCmATA 480
 TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT 506

30

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

40 AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG 60
 TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTACTTGAAT 120
 45 TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA 180
 AAGTTTTTAG ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACTTCATT TATTATTTTA 240
 TTGATAACAA TTATCATTGT CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTTCT AAAATGTATG 300
 50 ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTTCTTAG ACAAATACT 360
 GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTGC ATTAATACAA TTGACACCAT TTAGCATGAC 420

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 862 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

TGCACTTGAT ACTTTAGCAC ATGAAATTGC TAATCGATTA GTTGCAAATG ACAAGAATGA 60
 AGCAACTTTG GAAATGACTA ATAAATGGC AACGATTCGT TTTACAGAAC CTACGCTGAT 120
 TGCATTAGCA GGGGGTAATG TCAAAGCTTA CACTGAGCAT ATGACTATAT CTCCATATAA 180
 ATTGTATTTG TTAGATAAAG GCGATGTTTT AAAGTTTAGA GAAACAAGTT ATACATCGCG 240
 AGTGTATTTA GCTGTGGGAG GCGGATTTGA ATTAGATGCA TGGTTAGGAT CTAACCTCAAC 300
 CGACTTTAAT GTAAAAATTG GTGGTTTTAA AGGTAGAACA TTACAAGATG GCGATGAAAT 360
 AAAGCTTAAG AGAGATTATA CAGCTCGTCA TCATAAGTTA TTTGAAAACC TTGCTCACAC 420
 GAAACAAACA GATTGGGGTA TTGATGGATA CGCCTGTGCA TTTAATTATA TGTCTGATGT 480
 ATTTTCATGTC GTTAAAAATA AAGGTACGGA AGATTTTAAA GAAGATGCCA TTCAAAGATT 540
 TGTGAAACAT GATTATAAAG TAACGAGCAA AGCAAATCGC ATGGGGATGA TGCTTGAAGG 600
 TGAAAAAATC AAAGCTTTTT ATGAAGATAT GCCACCGTAT CAGACTGTCA AAAAAGGAAC 660
 GATACAAATT AAGCGTGATG GCACACCTAT TATCCTATTA AATGATCATT ATACGCTAGG 720
 TAGCTACCCG CAAATCGGTA CAATCGCAAG TTATCATTTA ACGAAATTAG CACAAAAACC 780
 GCAAGGATCA CGTTTGAAAT TTCAATTTAT AGATATTTTA ACGGCTGAAA AGAACCTTGT 840
 TAAgTATAGT AACTGGTTAA AC 862

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

AAATGAGTTG ATGATGGCTC CTATCCATC TATCTCTAGG TATGACAGAA sATAAACGGT 60
 CTTCTACCTG TCTsACATTA TCTTTCCAAC GATTAATACC TAAGCGTTTA GAAACACGTT 120

EP 0 786 519 A2

CAGTTTTACG TCCTACACCT GCTAAACTTT CTAATTCCTT ATGTGTTTGT GGTATTTCTC 240
 CATTAAATTG ATCAATCAAA GATTGACAAA GTTCTTAAT ATTCTTAGCT TTGTTACGAT 300
 5 ACAGACCGAT AGAACGAATA TCATTCATAA GTTCTTCATC ACTGACTGCC AAATAATCTT 360
 CAGGCGTTTT GTATTTTTTA AACAGCTCAG TTGTTACTCT ATTTACTAGA ACGTCTGTAC 420
 ATTGCGCTGA CAATAATACA GCAATAGTTA ATTGGAACGG ATTATCATGT TTTAATTCAC 480
 10 ATTCTGCATC CGGAAACATA TTTGCTATAA CATCAATCAT TTCTAATGCT TTTTCTTAC 540
 TTACCATCAA GGTTCTCCCC GTTTAACCAA TCAAATTTAG GTACCGTTTT AACTGTGTGC 600
 GTCATTTTCG GTTTATTGAA TTTTCTCTT ATTTTCTAG AATCGTCAAT TGTTTTGACA 660
 15 TTGTTTTTCT TCCAATTAAG TAAAATACGA TCTATATATT TAAAGCTAAG TTTATTCAAA 720
 CTATTCGCCT CGTCTAATGC CGCTTGATA ATTGCAGTAT CGTGTTTATC AACATCAATC 780
 20 CATTGATTTA ACGTTTCTAT TTCATATGGA GATAACGGCC TTGCAAATGT ATCCTCTAAA 840
 ACTCTAAATA ATTGTTTAAA TTTTCTTTA CTATTTAGCT CTTTCGTTTC CATACTTTGT 900
 TGCTTCAATA TATGACTTAA TTTTTCGAAA AAAGCATCTA GATTCATATA TTCGGKAAAT 960
 25 CTACCTTCyT CATCyTTTTG aACTkGtAAT tCTAGCAATT CACGTgTATC AAA'TTTTGGA 1020
 TACCATT 1027

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1006 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 386:

40 AAGGnTTGGA GGGAATTAAT nGATGGCAAA TCCCAGaTAA AGTACACaAC GCATGGAATG 60
 TGATGCATTT AATATTTCCA GTAGTTAGTA CGACGTTTGC AAGCTTTAAA TCTATGTATG 120
 GGGGCATACC AAAAGATTTT ATAGACTACT TATTTATTGA TGAAGCAGGA CAAGCAATAC 180
 45 CTCAAGCAGC TGTGGGAGCA TTATATCGTT CAAAAAAGT TGTAGCTGTA GGTGATCCGA 240
 TTCAAATAGA ACCGGTTGTG ACTTTAGAAA GTCATTTAAT TGATAACATT CGTAAAAATT 300
 ATCATGTTCC GGAATATCTA GTTTCTAAAG AAGCTTCTGT GCAGTCTGTT GCAGACAACG 360
 50 CCAATCAATA TGGTTTTTGG AAATCTGATG CTAATGATAG TAATCAAAAA ACCTGGATAG 420
 GCATACCTTT ATGGGTGCAC AGACGATGTT TAAACCTAT GTTCACGATa GCTAaCCAAa 480

55

GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAAATTTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaC 600
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660
 5 GCTCATTGT AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780
 10 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840
 GTACTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTTAA 900
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TTaTGTAATT GGCGACATGC AAAGAATACA 960
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTAn AGnAAGAAAT GTAAAA 1006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 662 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTnATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60
 GTAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180
 CATTTATCAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240
 35 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300
 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360
 CATTCAATGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420
 40 TAAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AACATTGCT ACATCGTCGA CGCTATATTC 480
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTTAATTTAC GCGGCTTTGC TGAACGTAAT GCTATGAATA 540
 CGCCAATACA GGGCAGTGCT GCAGATATCA TTAACTGGC AATGGTTAAA TTGCTCAAA 600
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660
 TT 662

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 669 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAATT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTITAGGA AACTAGTGAA 60
 TATAACAAAT CCCTCCTCTC ATTTTAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120
 CTAAACTGCA ACGGTTCTTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTATCA ATTCAAGCAT 180
 10 ACTTATTGAA AAATGTAAAC GTTTTCTTGA TAATCATTGT AAGCGCATTT ATTTTATAAA 240
 CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300
 TAAAAAGAA GTATTTAGAT TTACTATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AAAGTTGCAA 360
 15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTCGTCA 420
 GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480
 TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540
 20 TAACTGCTCT TGTCTACTAT CCAGAAGrCm AATTtAAAAT TgATTAAAAG TGATTTCCAA 600
 AATTgCGGtC mActTAATGt CyGGtATATC ACaACmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660
 25 AAATATTGT 669

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1249 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

35 CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60
 TATCAAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTGAAAT GGTGCAAAT 120
 40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180
 ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAAA 240
 45 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTTAC CAGCTGCTGG 300
 TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360
 GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATAA ACATAATACG ATTAATAATA 420
 50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGctCnCTA 480
 AtGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTC 540

55

CGATTGTCTT ATACGTGTCA GTGTTAATTC AGATATTTCC TGTGGAATAT ACCACTTATT 660
 AATCATAATT GGATAAGGTG tTTGTGCGTA CAGTGTTCATA ATAATCAGCC AACAAATGTGT 720
 5 ATCACCAtCA AACACGTGAC TATGATTTTt GAAGTGGGGC GCTTTGGTAA TAGACATTTT 780
 TAAATCTGAT TGATATGCAT TGCTATAAAT CGTTTGCTCA ACGAATGTCT TCATGTCGTC 840
 TTCGTTTTGT GTATTCACCTT TAAATGTGTC AATGACATTT AACGGTATAA AGGTAAAGCA 900
 10 AAATGCATCA GCTTGCTTAG AATGATTGTC CTTTTTTTGA TAATAGCGTT CCATTGCAAT 960
 GACGGCAGAA GGATGGTTTG CAAACAAATG ATTTGTATAT TCACTTTCTA AATCAACACG 1020
 ATAATTAATT GATGACATAG ATACGCGAGC TAGCAATATT TGATCAAGTG GATGCTTAAA 1080
 15 TTGATCCATA CTTGAAGCGT GTTGGGCATT TGTTTGTTGA ATAACAAAGT GTCCCTTCCC 1140
 TCTTGTACTC TCTACGATGC CATCTTCGGC TAACAATTTt ATAGCTTGGC GCAAAGTCAT 1200
 20 ACGACTGGAC ATCAAAGCGC GCACAAAGTT CTTTTTCAGT AGGTAATGC 1249

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1788 base pairs
 25 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

AATGATGATT CATTCAAAGA AATTAACGCT CGGTATATGC TTGGTATTAC TCATTATATT 60
 GATTGTAGGT TATGTCATTA TGACAAAAAC AAATGGTCGA AACGCCCAA TTAAGACAC 120
 35 ATTTAATCAA ACATTAAAAT TATATCCAAC CAAAAATCTC GATGATTTTt ACGATAAAGA 180
 AGGCTTTTCGA GATCAAGAAT TTA AAAAGGG TGATAAAGGT ACTTGATAG TTAATTCTGA 240
 40 AATGGTAATC GAGCCAAAAG GTAAGGATAT GGAAACGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAA 300
 TCGCAATACT AGAACCACAA AAGGGTATTA TTTTATAAGT GAAATGACAG ATGACAGTAA 360
 CGGCAGACCA AAGGATGATG AAAAAAGGTA TCCGGtAAAA ATGGAACATA ATAAAATCAT 420
 45 ACCAACGAAG CCACTACCGA ATGACAAGTT AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT 480
 TGTACAATAT GGCAACTTTA AAGATATTAA TGATTATAAA GATGGTGATA TTTCATATAA 540
 TCCTAATGTA CCAAGTTATT CGGCAAAATA TCAATTGAAT AATGATGATT ATAATGTCCA 600
 50 ACAGTTaAGa AAAAGATATG ATATTCCAAC CAAACAAGCG CCGAAACTAT TATTGAAAGG 660
 CGATGGAGAT TTA AAAGGTT CATCCGTAGT TcTAGAAGTC TTGAATTTAC CTTTGTGCGAA 720

55

EP 0 786 519 A2

	AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA	840
	AACAAGTTCG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA	900
5	GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT	960
	GATATTAGTA AGAAATTTAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTC	1020
	TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA	1080
10	AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC	1140
	TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGACTTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA	1200
	TTTCTTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA	1260
15	TTTGGAAATT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA	1320
	GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC	1380
	TTATTTTCTC AGACGTAAT GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTA ATCAAGGATT	1440
20	AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA	1500
	GCGTTTGTAT CACTTTGCTA TGAACGTAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC	1560
25	AATGATTACT ACCCCTAGTC GGCGGCAATT GAAGTGTGAT TGATGTA ACT TGCCCTCGTT	1620
	GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCTCCC ACAAATCTGG	1680
	AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCAKACTT ATATTATTTT	1740
30	tAAAACGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC	1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35	(A) LENGTH: 2407 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

	GCAAGTTTAG TTAAACAGAT ATTAAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA	60
45	GAGATTAGTT TGCAAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA	120
	ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTTTCTAAT CAGCATTTT	180
	ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTCAG AGGAAGAATC AACAAATAGC	240
50	TTATTGCAAG AATATTTTATT AGGATGGAAA TTTTAAAAAG ACAACATGAT GATATTTTATT	300
	TTTGGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAACAT ATCATTACCA	360

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTTCAGCTA TTCTTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCAATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTCAGATAA ATATGTCGGT	660
	CGCTCAITTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATnT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
	ATAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
15	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACCTTTA GTCGCCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACCGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTA ATCACATTCTG	1260
	TATTAATGAT TCATTTCTGTG TTGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAATTAT	1380
30	AGTTTGGAAG GTATGCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
	GTTATAAGAT AACTAAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
35	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTATTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTCAAATGG	1680
	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
40	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTGG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160

55

GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT 2280
 GCCAATTTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG 2340
 5 GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAAATAC ATTGTTAACA 2400
 ATTAACG 2407

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2424 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

ATGATGnATG GChCCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAAGC 60
 GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTaGTagCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA 120
 GGTTTAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTGTAGAT 180
 25 TCGAGAACGA TATTAGACAG TGGTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA 240
 TATCTTGGTA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTTGT TTCTGATGAC 300
 GAAATTGATG ATGTTGTGTA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACCGGACTA TCTATTTGAA 360
 30 GAAAAAGAAT TGTTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGTT 420
 TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA 480
 ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTCG 540
 35 AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATTT AAATAAAGAA 600
 TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTTGTGCGA ATTAAAGGTT 660
 CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG 720
 40 ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC 780
 CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTtAT ACAAGGTAAT GCATTCGCGA 840
 GTAGCCaTGA AGAAaAGTA CGTGACATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG 900
 45 ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCACTAGC TGTAAGTGGT GCACATGGTA 960
 AAAGTTCTAC AACAGGTTTA TTATCACATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT 1020
 50 TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTTGCTT TTTGAGGCAT 1080
 GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG 1140

TGGCACATAA TGTTAAAAA GGTATTATTG CTTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA 1260
 TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC 1320
 5 AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTACTG CTTTGTATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTTT 1380
 ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTAAATGCA TTAGCTGTAA 1440
 TTGCGATTAG TTATTTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT 1500
 10 TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG 1560
 ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC 1620
 CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT 1680
 15 TAAATGAATT TGCAGAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCTTATGT GAAATTTTTG 1740
 GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG 1800
 20 GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTGAT AATGCTGTTA 1860
 TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAAA AATTACAAAA TGCATATTTA GATAAATTAG 1920
 GCATGAAAAA TGCGTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG 1980
 25 ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA 2040
 ATTATCGCTG CGATTGCATT CTAAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT 2100
 GTTAAGaAAA ACTTAGATTA TGTTGCAAAA ACACCTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA 2160
 30 GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTTACTT CATAAAGTAA ACCGTTTAAC TGAGGATATC 2220
 CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AAACCTCAGTT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CGGTGACTCA 2280
 GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTTCT 2340
 35 CAAAATGAAG ATAAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATGCA 2400
 GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC 2424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 738 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:

50 CnATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT 60
 GTGGGTAGTT TTTTGTAGTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA 120

AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240
 GTTTCACCTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAAGTGCAAT 300
 5 GATAGTTTTG ACATTTAGTT TCTAATTGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATTG 420
 CATTTCGGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAAACTG 480
 10 TTATAAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAT 540
 GAAGAAATAA TAAACTTGTT AATAAATAAA ACATCACGAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600
 15 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTTAA TAAATCAGCT 660
 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTTGT ATAGTTGGAT 720
 TTIGCAAAAT TGATGTTA 738

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1270 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:

30 AAAAGTTGTA ATTAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAAACTATT TATATGACTA 60
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAACAA 120
 CTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTCAG AGAAAATGAA CATGTCGATG 180
 35 AACGTGCAAT GGA CTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300
 40 ACTTTGGTGG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360
 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTACT TAAAAAGCG CTAGAACAAA 420
 ACCTGAAACC TGTTGTTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480
 45 TTGTAGATGA AGTTTTAGAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600
 ATGATAATTT ACAATCATTa TATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660
 50 AACAGTGATG AGCCCATTAC AATTTCCAAG TAGCATTGTT GGA CTACAAT GATTATGTTG 720
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAAAAGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

55

GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTTAATTGCT GTTTCAGGTA 900
 TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG 960
 5 TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAA TGACATTTAA AGTTAACAAT TCTCCATTG 1020
 CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT 1080
 TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTC TCCAGATACA TGGGTAGTTG 1140
 10 CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG 1200
 AATTACAAGT TTCAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC 1260
 CATTGAACG 1270
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1365 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

AAGACCAGGA GAACAmGTAA AACAAATATAC AGTTGaATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT 60
 TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTAAG TACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA 120
 30 CAAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGAc CAGGTGCTAG AaCAGCAATA 180
 ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA 240
 GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTGCCTGT 300
 35 CCAGGTTTTG TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT 360
 GTCATTCATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTAGGA 420
 TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAAGACA 480
 40 GTGATTTTCGT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT 540
 GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT 600
 CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA 660
 45 GTGAATGACT AGGAGGATTT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA 720
 AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTCCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA 780
 50 TACCAGATT TGAIGTGGA GAAACAGGAT CAACATTGTA AGAAAATGCT ATATTAAAA 840
 CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGAAGTAGAAG 900

GCGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG 1020
 CGCAATTtGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTAAAG 1080
 5 GTACTGTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGGTTTC GGATATGATC 1140
 CGATATTTTA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG 1200
 GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA 1260
 10 AAAATGTCTA AATGCATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA 1320
 ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTTACATT TAGGA 1365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1383 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25 AATTCCTGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTCCG AAAATATGAT AACTCGTAAT 60
 CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAACT ATCTGATTAA CCCCTCCTGG 120
 TGCTGCACCA AGaAACAATT CATTAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC 180
 30 CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT 240
 ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACTCCA ATTCTAATCA TATATATTAG 300
 TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGTAATGTT AAACCTGTAG AAAAATTCCA 360
 35 AACAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT 420
 AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAATAAAT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC 480
 TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTTAACCT TCCATTCGCA TGCATGTTAC CATCATGAAA 540
 40 AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA 600
 GCTAACAACT AACAAATTAG CACGTTTGTC TTGTTCAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG 660
 TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTTAAA 720
 45 AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG 780
 CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTCGTAAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC 840
 50 TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC 900
 TTTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA 960

TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTCTTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAAATATCC GCTAGCAGTT tTGACTACAA AGCATATATG 1140
 5 GaCTTTCaCT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTAAAAhGAG CCTGAACAAA 1200
 GTTCAGGCTC TCAATTGTC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260
 TGCTTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320
 10 AATTGAGATG GnGGnAAAAA CACACCTCTT TgNCATTCTC GGTACATTTT TGCAATAATT 1380
 TCC 1383

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 415 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:

25 TCCACTAaNa TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60
 ATGATTAAGA ACCACGGTTT AATTaTTTAG TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGGTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTCCGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240
 CAATTGCTAT TGTTAACGCA TTAACTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTT GGTGCAGTAG 300
 GTATTTTAAT GGCKGTATtA TGGGCGATTA TTGCCAAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGGAAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 40 (A) LENGTH: 1141 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

45 TTTTAGaTaA aTyCAATnT CyATaCTaAA TgATTnTCTT ATTaCGTCAA TTcGCCTTTT 60
 50 aTTTTATCGT AATCTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120
 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTTGTGA TTTGTTCTAC TTTTTCATCA 180

AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTTGTAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300
 CCTGCCCCACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATATTTCC GAACCTTTCT 420
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480
 TTTTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540
 10 ACATTTTGTG TAAATTGCGT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTTT AAACCCACGC 600
 TTCATTTTTC GTTTGTTATT ACCGTATACA TCTTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660
 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720
 15 ATAATAAGGG TAGGCGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840
 20 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900
 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTCGTCAA ATAATGTTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020
 25 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGtK 1080
 TTAAATGTTT TTCTATTAAA TCGTTGTTTt CCAATTCGtK TAaAAATGtT CyTATATTCC 1140
 T 1141

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 706 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

40 ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60
 CTAATAACAC ATATTTAACT TGTATCTTA AACTGGTATA ATAAATTTAT GTTGAAATGA 120
 ATATTGTATG ACAGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180
 45 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTAAG 240
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300
 50 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAAACACT 360
 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

55

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CCGTGCCTAC TTAACATTGC CAATTTTAAT TGTATTATA 600
 5 GGTTCGGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTTTCTA TCAAACGTAA AAGTACATT 660
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1187 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

20 ACACAATCTG AAGATTCACG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60
 ATGAnAGAAA TCAGTGATTT TGTAAAAAG AAAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAATAAC 180
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300
 GATAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTaY aCGTTTACAA TGATTTTTCa GATCATTACC 420
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAATAATA ACTTGCTeCG TTCTAAAAGG 480
 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTGAA TTGACTTACA TTTTAATAAA ATCATCTTAA 540
 35 CAACTTTAAT TTTTCaTTAA TACAaGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTTCTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAACTTC 720
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTC TTTTTATCT 780
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATTGTGATT TACCTTTGTC TTTTTATCA 900
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCTTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960
 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTCGCCCAT AAATTCCAT TTCGTGTTAA AGAAAAATT 1020
 50 TCACTTTTAG TTCTATTATC ACTATCATTA GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCCAT 1080
 TTATTTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 847 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

```

CCAGAATTAT TTTTTCAAAA AGGACAATTT AACAAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA      60
CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAaGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA      120
ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA      180
AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTTTATT      240
GAGGCATATA AAAGTGTATT TCAAATGACT TCGATGGTAA GTGGAAGTTT AAAAAATAAT      300
ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCCTTGTC GTTCGATTAC AGGTGCACCG      360
AAAGTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC      420
GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTTAAT ATTCCGATTC      480
GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG      540
ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT      600
TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA      660
TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGa GCGATTAAAC TTAAATTTG ATGAACATGC      720
ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA      780
AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAG      840
TAGTTTTT                                     847

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 740 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

```

TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT      60
GTATCGTCGA TTAAGTGCTT CTAAGTTAAC AAGCGTTCCT GAAAGTTTAT CATCATGAAA      120

```

GTTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATTC AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240
 GAAGCAAATG ATGTTCCTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300
 5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360
 AAAAATAATC GCTATAAGCg TGCGATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTTGAG 420
 CCAGGTGTTA CTAAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480
 10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAAT AATTGAAGTT 540
 AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaAAGGG ACAATAAATA 600
 TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660
 15 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720
 ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 630 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60
 TATAATTTTT TCTTTGTGA CATTAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120
 CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180
 35 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240
 AAAACAAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300
 40 GTATGTTTTT TGGTGAAAT GTAACCTAGA TAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360
 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420
 GAAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTACTAAAAT GACATGAAAG 480
 45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAAGGATC AAGTTGTAAT 540
 TCGTCACTTT TACCTGTTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600
 GGTACTATCA AACGTTTTGA AATTTTTTCT 630

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6254 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

ATTTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGGAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA 60
 10 CGAAAAACCA AGCGTAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA 120
 ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAAACATCA 180
 CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTTTTGTT GTCAATTTTT AATTAAAAAA 240
 15 AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAAGTA 300
 TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT 360
 TTTACAAATG ACAACTATCT TGGAAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTTG AACAAAGTTAG 420
 20 CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT 480
 TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT 540
 ACTTATTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT 600
 25 ATTCTCAATT GGCGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG 660
 TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTTGCTATT 720
 30 TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT 780
 GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAAG ATTCAACTAA 840
 TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA 900
 35 AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC 960
 TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCGCAA TAAACCGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG 1020
 AACAAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTTAAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA 1080
 40 AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCAATTAC TTATTTTATT CTCATTTGTA 1140
 CCCATTGGTT TATGGATTTC AGCGTTAGcA GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG 1200
 GTTGGTATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG 1260
 45 CACAAAGCAG GACTAGCATT AACAAACAAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA 1320
 AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTgcTGACAT TGATCTTCCT 1380
 50 TTCGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG 1440
 TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT 1500
 GAAGTGAAAG CCAAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTTGGTGGT 1560

55

EP 0 786 519 A2

AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTTAAGC 1680
 AAAGGTTTAG ATTCAGGTAC TGCATTTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTGAT 1740
 5 ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT 1800
 GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA 1860
 GCGCGTGTAC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT 1920
 10 ATGGCTGAAG CATTACGTTT AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTTGAAAAAT 1980
 ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT 2040
 15 GAGTCACCTG AACATTAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTC TAATTTTTGT 2100
 CATATCAGTG ATCATTTCTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA 2160
 AAATCAAAAG CCACCTCAAA AAACATCTAC CGATAATGAA CCAAAAAAAG GTGGCTTTTT 2220
 20 TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA 2280
 ATCATCGAAA CGAAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA 2340
 AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA 2400
 25 ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG 2460
 ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA 2520
 TGATATTAAA ACGATTGTA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAAA TTGCTAAAAT 2580
 30 GGAAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT 2640
 GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTTGACTA AATCAGCGTT 2700
 CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC 2760
 35 AAAACAATTA TAAAAATTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTTGTTTTTT 2820
 TACGTTAAGG AAAATTAATA AACAAAGAGA ATTTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT 2880
 40 ACAGCAAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA 2940
 AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC 3000
 AATTGCATGA TATAATTAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT 3060
 45 GAAAAGGAGC GCGTGTATGC CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC 3120
 TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTTAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT 3180
 CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAAGC 3240
 50 GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTTA GGTAATAATA TTACAATTAA 3300
 AGATCTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATTT 3360

55

EP 0 786 519 A2

	GCAACGTATA TATGTTAATG CCATGAAAAA TAATGATTTA GTATTGGTA TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT AAGACATTCT TAGCTGTAGT TTATGCAGCA AAGCAACTCC GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT ATTGTATTAA CAAGACCTGC TGTGAAGCA GGAGAGTCAC TTGGATTTTT	3600
	ACCAGGAGAT TTGAAAGAAA AGGTAGATCC ATATTTAAGA CCTTTATATG ATGGTCTATA	3660
10	TACTGTTCTT GGGCGTGAAC AAACAGAGCG ATTTATTGAA AGAGGCATTA TCGAAATAGC	3720
	GCCACTTGCA TATATGCGCG GACGAACATT AGAAGATGCA TTTGTAATTC TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG ACACATGCGC AAATGAAAAT GTTTTAAACA AGACTAGGTT TTGGCTCAAA	3840
15	AATGGTAGTT ACTGGTGACC AAACCTCAAAT CGATTTACCT AAAGGTGTTA AAAGTGGAAT	3900
	TAAGGAAGCG GTCAGTAGGT TACACAACGT TAAAGGTATA AGTATATTGA AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA GTCAGACATC CATTGGTAAG TAAGATCATT GAACATTATG AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT ACGATAGATT TTAGCGATCA CACAGGCTTA GTTAAAGATG CTTGGTATAA	4080
	ACAAATTGAA GATTTATTAG AATTTGCTAA AAAAGAAGAG CATATAGAAG ACGATGCTGA	4140
	GCTTTCTGTT ACATTTGTAG ATAAACAAGA AATACAAGAA ATTAATCGAA CATATAGAGA	4200
25	TAAGGwTAAG GTTmCaGATG tAaTCyCaTT tGCTTTAGrA GrAGATGAGC CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT CTTGATATAC CACGTGTTTT AGGGGATATA ATTATCTGtA CGGATGTAGC	4320
	GCAAGrACAA GCAAACAATT ACGGACATTC TTTTGAACGA GAATTAGGAT TTTTAGCATT	4380
30	ACATGGATTT TTGCATCTAT TAGGTTATGA TCATATGACT GAAGCGGATG AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCGA CAAGATACAA TATTAAACGC ATATGGATTA ACACGAGACT AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT ATGCACTTGA TGGGCTGAAA ATCTTAATTC AAAAAGACTA TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT TTGCAATGAT TGTGCTATT GTCTTTGGTC TCGTACTAAA TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGA TATTTATACT CATTGCTATT GCATTAGTTC TCACTGTTGA AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG AATATGTTGT CGATTTAGTG ACCGTGAAT ATCATGATTT AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA TTGCGGCTTT TAGTGACTTT ATAGTTTCAA TATTAGCATT TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT TTTTACCACA TTTTATAGCG TTATTTTAGG GAGGCATATA TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT TTTCAAGAAG TTAGAAAAGC ACAACAAGAA TCATATTCGC CATAAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA GGGGCTTATT TAAAACGAA AGACgGTAGA ACTTTTATG GTACCAATGT	4980
	AGAAAATGCT TCTTATCCAT TATCGATATG TGCTGAACGA GCTAGTTTGG TATCGGCAAT	5040
50	TTCTCAAGGA TACAGACCAG GTGATTTTGA ATCAAACTA GTAAACCGTAG ATGCAGATAA	5100
	ACCGTCATCA CCTTGTTGGTG CATGTCGTCA AGTTTGAAG GAATTATGTG ATGATGATAT	5160

55

ACCATTGGA TTTTCAGGAA AGGATTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTGT 5280
 TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATTT GTTAATAGAG TGATCGGCCA 5340
 5 TAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT 5400
 GACAAGAGAT GACGCGCAAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA 5460
 CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT 5520
 10 CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT 5580
 GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGCATCC 5640
 AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT 5700
 15 ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA 5760
 TTTACCCGAA GnaCCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAATT TCAGACCATC CTGAACAATT 5820
 20 TGTAGTGGGT GAAATCATTC GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAGTGAAG AAATCCCTCA 5880
 TCGGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA 5940
 AGCAACTATA TATGTTGAAA GAsGTTGCA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA 6000
 25 AAAGTTAAAA GAAGTAGGaa AAcGTGCGAG ACGTGAtATA GaAATGcttC TAGGCTCTAA 6060
 AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT 6120
 TCGCCAAATT GGTTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT 6180
 30 AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAAATTAT 6240
 CACGATTTTA AATG 6254

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3710 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45 GTTGTTCTAA ATGTTTCTTG nATGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTTGT 60
 TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT 120
 CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA 180
 50 ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTGTTGAA ATTCCATAAA 240
 TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA 300

	TGTATTGTGTT CAGCTAATGG AAAACGACTA TTTATCGTTG AATGGATATC TCGAATTGCG	420
	GCACCTGTAC TCGCTGTAA AACTGCAATT TTTTATAGGAA ACTTAGGTAT TGATTTCTTA	480
5	TTTCGCTTTAT CAAAACAACC TTCTTCAGTT AATTTTTTCT TTAATGCTTC TAATTTTTGA	540
	TATAAGTTCC CTATACCATC TAATTGCATT TTATTACAT AAATTGATA GTTCCACGA	600
10	CGTTCAAAAA CAGAAACACG TGCTTCTAAT AAGACTTCAT CTCCTTCTTT AGGTTCGAAG	660
	TTTAATTTAG AAGCACTACC TTTGAACATC ATGGCACTTA TAACGCTTC TTTATCTTC	720
	ACATTAAAGT ATAAATGACC ACTTGaATGc TTTTGTAAAT TTGAAAGCTC ACCTTTAATC	780
15	AATACAGATT GGAGATGTGG ATCTTGATCA AATTTATATT TAATATATTT CGTTAAAGCT	840
	GAAACACTTA AATAATCTGA CATATAACAT CACTCAATTT TATTTTCTTA TATTACTCAA	900
	TACACCATTT ATAAATTTAT AATGATCATC ATCACTGAAT TGTTTTGTTA ATTCAACTGC	960
20	TTCATTCATT ACGACTTTAG CAGGTGTATC ACTGTGTAAT ATTCATATG TTGCCATTCT	1020
	TAAAATAATA CGATCCGTTT TTAATAAACG TGCAATAGTC CAATCTTTTA AATAAGGACT	1080
25	AATTGTCTCG TCTAATACAG GTTCGTGATC TTTAACGCCA GAAACTAGCC AATGAATAAA	1140
	TTCGAAGTCT AAATCTGGAT TATCGTCTTT AATAAAGCTT ATCGCTTCAT TTATCGTTAA	1200
	ATCACTGTCC TTCATTTCTA ATTGAAATAA AGTTTGAAAA GCTTGCACTC GGGATTCTTT	1260
30	ACGACTCATT TTAACTCCT TCAAACGTTT GTATTTTCT TTATTTAATT ACTGAATTAG	1320
	GTATGACATT ACTTTTCAAT AACGATTGT GTAATGTGAA TATTAATTTG CTTAGGTTCT	1380
	ATCGCTGTCA TATTAGAAAT TGAATTAAAA ATTGACGTTT GAATTTTGTT TGCAGTTTTT	1440
35	GAAATATTAA CACCATGTTT TAATGCACAA TATACATCTA TATATATGCC ATCTTCTTTA	1500
	CTCTCGATTT TTAATCACG GCTTAAATTT TTACGACTAA CTTTTTCTAA ATTTGTTTCT	1560
	TTTAATTCAG CAAAATGGCC AGTGATGCCT TCGACTTCCG AAGTAGCTAT ACTTGCAATA	1620
40	ACAGATAGCA CTTCTGGCGC TATTTCTACT TTACCTAATT TTGAATTTGA ATAATCAGTT	1680
	ACTTTGACCA TGGATTGACC TCCTATTAAC CTTTCATCATT CATAATGCTA TTTTGCTCTA	1740
45	AAAAGTTTGT ATTAAATTTA CCGCTTCTAA ATATATCGTT ATTCAATAAT TTAATATGGA	1800
	ATGGAATAGT TGTATCAATA CCAAGAACCA CAAATTCACT TAGTGACGA ATGCCAGCCA	1860
	TAATCGCTTC ATCTCGTGTC GGTTCATGTA TGATTAATTT CGCTACCATC GAATCATAAT	1920
50	ATGGCGGTAT CGTATAATTA GTATAACATG CTGACTCTAT TCGAACACCA TATCCACCTG	1980
	GTGCAAGATA TTGCTCmATT TTACCTGGTG ATGGCATAAA GTTCTTGTA GGATTTTCAG	2040
55	CATTAATTCT AAATTCAATT GCGTGTCTCTG TTAATTTAAT ATCTTCTTGT TTATACGGTA	2100

EP 0 786 519 A2

CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTT CATAAAATAA AATTTATTAT 2220
 CATTTAAATC ATATATAAAC TCAATTGTTT CCGCATTTTTC ATAATTTACA GCTTTCGCTG 2280
 5 CACGAACTGC GGCATTTCCC ATTTACAGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG 2340
 CTTCTTCCAC TAATTTCTGC ATACGTCTTT GAATTGTACA ATCACGTTCT CCTAAATGAA 2400
 TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA 2460
 10 ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCAATC 2520
 GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC 2580
 15 CAGCAGTAGC TTTAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTTT GGCGATTTTC TTAGCTTCTG 2640
 AGACGTCTTT CATTAAACCG TCACTACCAG GAACAACCTGG AACATTGGCT TTGATCATTT 2700
 CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATAACTT GGTCCAATGA 2760
 20 ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT 2820
 AACCCGGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT 2880
 TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG 2940
 25 TATGTAGCGC ATCTTTATCC CCTTCAGAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC 3000
 GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTTCA 3060
 TTATTTCAAC TTAAATAACG GTTGGCCATA CTCTACCATT TGTCGGTCTT CTAATAAGAT 3120
 30 TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTTCATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA 3180
 AATACACACT GTTGTTCAT TTGAAACAGT GTCCCCAACT TGCACATATG CTTCTTCGTC 3240
 35 TGGAGATGGC GATTTGTAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATTGTTT TGTGATTATC 3300
 TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG 3360
 CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTTGTGA GATTTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT 3420
 40 TTCTTTCTTA AGCGTCACTT TGCCTTTAGT ATCTTCAATA TTGATTTCCG TTAAAGTTGA 3480
 TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT 3540
 CAGTTTGTTC TCATCTACCC GTCTATTTTA CTGAGACAA CTCTTCAATT CAAGCATGTT 3600
 45 CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAAACCAC ATTTTAAATT 3660
 AAAAACACTT GTGTATTTAT TACTTAACAT TGACTCATCT TAACTCTTGA 3710

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1705 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATGTTT GTTGCCTTTn TCCACCAGAC AATTCAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTCA TAACGATTTA ACATATGTTT TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTGGTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATWATTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTTTAATGTA ATAGAACCTT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TCGCCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTTAATTG TTTTACTTCT AAAATGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
	ATCTTAACTT CATTCCTTT AGGCTTTGGC ACTTGTATCT TCAATTTAAC ATATGACTAA	540
20	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTCA TTTTGTAATG	660
25	GGAAATCAA TCTGACAGTT GTCCCTTAC CAACAGTCGA CGTGAAGTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AAACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTTCA ATGCGTTTGA CAAAATTTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAAACAT AATCATCCAC TTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTCTA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGtGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAATGGTT TGTTCATGCA TGTTCAAATTG CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTTCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTAAATTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAATAAAA CTGTCTATTG GAAAATCATA ATCGATTAGA CTA-TGCCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA ALATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620

55

GCACTATCCA TACTAATTTT AGATA

1705

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

5

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1722 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15

TCAATATATC TTAAATTTCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAAT 60

CCTATTC CCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT 120

CATATTATAC ACCTTTGTTC TCTATTTTTC TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC 180

20

TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA 240

ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAAtACC TTTTTTGTGC 300

AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTTGA TCGCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT 360

25

ACAACAATTG TGACATCAAT AAACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA 420

ACTTCTTGTA CTTTCATCAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA 480

30

TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAAACC AGTATAAACG 540

ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTTGCGTA 600

AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA 660

35

GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA 720

ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG 780

TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA 840

40

ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA 900

TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA 960

ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAAA GACAAAACCC 1020

45

GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACCGCGT 1080

TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT 1140

50

AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTTA TAAATTTTTA 1200

TAAATTTAAA CTAATTTATT CATTGCAAC CCCTAAAAAT AATTTTTAGC CTTTCTGCGA 1260

ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTCGC CTCGAAAGTT 1320

55

CGAAwTTAT GAGCTAGAAA GGCTTATGCA GTTGACGTTT TACGTCCAAC TCGGTTCTCTC 1440
 CGTCTTCTTC AAATTTATTT GThAGAAAGG CACCCAATC TCCCTGTTTG TTAACTTTCG 1500
 5 CCTCGAAAGT TTCTATGTTA GAACCCTATG CATGAGTTGC GAAnTATCTA ATGTGCGTAA 1560
 CTAATTATAT AGAAGAAAAA GTGCATCAAT GACAAATTAA ATGAGATTTT TACTCTACCA 1620
 AACTCTCTTC GAAAGACAAT TTTCTCTCT ATTTATTAGC AACTATTGCA TTTCTCCATA 1680
 10 TAGTACTTCC TTACTTAAAA TACGCTGAAT GTCTGAATTA AA 1722

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 408:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 5521 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 408:

GCGAGACCCC CTGAGGGAGC AGTGCCAGT CGAAGACCCG AGGCTGAGAC GGCACCCTAG 60
 25 GAAAGCGAcC ATTyCAATAC GAAtTgTGAt AAATAGAGAA CAGCAGTAAG ATATTTTCTA 120
 ATTGAAAATT ATCTTACTGC TGTTTTTTTA GGGATTATG TCCCAGCCTG TTTTTGTGA 180
 TTTTAAATAA TTTGAATATG GAAAATGTAT TATTCTCTCA TTTGTATAGA TTGTATTAA 240
 30 TAAGTTAATG TAATCCTTGA GCTCAGATT AATAAAATTC TATAACCTTA ATTATTTTCT 300
 CGATACAAAG GGTTATTAAC TTTAATATAA GTATAATGAT GTGCCTCATC TTCAAGACGC 360
 ATTGTTGTAA CACACTTATA ATCTATAAAT GGCGCGAACA TGGTATCTTT AATTTCaTTT 420
 35 ATGCGATTCT CATTTACTTG ATTAGATTG TGTGTCGAAA GTACAAGTTG ATCaAAAATG 480
 TTATCTAGTA CATCAGAAC GATATACCAC ATATGCTTTT CTAAGTTTGA ATCATTTGAT 540
 40 GCTTTAGAGA TTGTAAGAAT TAATTCGCCT AAATGGTTTT GAACGGTAGA ATAAAAGGCT 600
 TTGTTAAACA CAGACGTTTT TGAATCAGTA AGAATTCTTG ATTTTTCATG GAAATGAGAT 660
 GTACTGTATA CCATTTCAAT TAGTTGTGCT TTATCAATTC TTAAACCTTC AAAGTCTCTA 720
 45 ATATACATCG TGTCCAATAG ACCATCTTTC CGAAATGTTG CAATAGCATT TTGCAAGTGA 780
 GCCTCTAATG CAATGCCATA TTTAGTAACT AGTGGGATTA CGAGACCAAG CAATGCTTTA 840
 CTATAAGTTT CAACCCACGA TTTGCGCGAT GATTCAAAAT CAGACAATGA TGCAGCTGAT 900
 50 TGATAACGTT TAATCAATGT CACGATAGGT GATTCAATGT TAAATGGGTA GGTTGCAACT 960
 AAGCTTGAAG GAATCAATGG TGTGACTTCT TGTGGAATCA TTTGGTATAT ATTTTTTCTA 1020

55

EP 0 786 519 A2

	AAAAATGAAT ACCAGCAACT TCATCAATAA TTGTTGATGC ATAGGACTTA AATATGACAT	1140
	CTTTCTCCAA AATATCATT AAAATACGTG TCATTAGTGG ACCATTGTGC GTCGTTTGT	1200
5	CTGATAATGT ACGAATCTCA CCTGTAATAT GAACGTTTGT CGACAATTG ATGTGTGGCG	1260
	ACATAGCTGG GTATTTAGGA ACTAATGTTT TGAAAGATAA ACCAGCATAA TAATCCaACG	1320
	TATGTTTTGC TTCAATGATT AATTCTTTAT CTACTTCTGC TTGATAATCA GAATGTAATA	1380
10	CGTCATCTAA TTGCCATGGA TGAACAATCA TAATGTGATA ATCATTAAAG TTAAACTTTG	1440
	GCGTAAATTC ATTTTCTAAT TGTTTAATTA AGTCCGAAA TAGTTGATGA ACAGTTGTAT	1500
15	CATAATCTTT AGACAGTGAC ATAGTACGGC TTAATTTACT GTGAATCAGT ACTATTTTCA	1560
	ACTTAATAGG TTGATTGAAT TCTGAAGAAT ATAGGAATGT TTGTAATGCA TTTAAACCTT	1620
	TACGTAATTT AGCCCCAGGA TGTAGCGGAT GACCTTCAAT AACGGCTTGC TCTGAACGCA	1680
20	AGTAACTATC TTCGCTATTT TCGATAATAT TAAATAAAGG TGCAGAATCA TGTTGCATTG	1740
	ACAGTGCTTG ATAGCTAATT GCAAATGTCA TATtAGTtGC ACTGTTTATT AAATCTTGCT	1800
	GAAATTGATC ACTAGCAGCA TTTTTTAAAT CTGGTGCTTC AATTAAAATA CACTCAAGAA	1860
25	TTTCATTTGG ATGGTGTACT CGTGTAATCG TATTTGTAAT GTCATCTTTA ATGTAGAAAG	1920
	GGCCTTCAAC ATCAATTCGA TCAAAGGCGT GTTCTCCAGT GATAGGAGCA TATAATGTTT	1980
30	GCTTAGCTTG TGGGAAGTGG ATTTCTAGTA TATGAGTCGT TGAGATATCT AACATAATCA	2040
	AATCAGCACT CAATATTTTC TTACTTTGAG TGCGCGCTTT AACTAAGTTT TCGCGATGCA	2100
	TTGATGTGAC CAATCTCTGA GTGACTTTAT CTCTTCCTTG TAAAATCATC TCTTTAAAAA	2160
35	TATTAGCCCA ATCGCTATTA TGTTGTTGTA AAAATAAATA TGTTTCTTGT TCTTCTTGT	2220
	TAAATTTTAA TGTCTGTTCT TTAATAAATA AGTTCAAGTT CATAATTCAC CTCTATGAAA	2280
	TATTTTACAA AAGCAAGATA GATTTGTATA ATCCATATTA ATGATAATGA YTCTTATTAT	2340
40	CAACAGAATG CGGGTGTAAG TTTTATGACA AAATATTTTT TTAGCAGTTC TTTTCTACTA	2400
	TTTCTAGGTA ATTGGATTGG ACAAATAGGG CTAAATTGGT TTGTACTTAC CACTTATCAT	2460
	AACGCAGTTT ATCTGGGGAT TGTCAATTTT TGCAGACTTG TACCAATATT ATTACTAAGT	2520
45	GTGTGGGCAG GGGCAATTGC CGATAAATAT GATAAAGGGC GATTGCTGAG AATTACAATT	2580
	TCATCATCAT TTTTAGTAAC TGCAATTTTA TGTGTGCTCA CGTATAGTtC ACTGCAATTC	2640
50	CAATTAGCGT CATTATTATA TATGCGACAT TAAGAGGGAT TTAAAGTGCG GTTGAAACAC	2700
	CTTTAAGACA AGCAATCTTA CCAGATTTAT CAGATAAAAT ATCTACTACA CAAGCTGTmw	2760
	CATTTCAATC ATTCATCATT AATATTTGTC GTTCAATAGG GCCTGCCATT GCTGGTGTCA	2820

55

EP 0 786 519 A2

	CAGTTTTATT ATGCTTACCA TTACATTTTA AAGTAACTAA AATACCTGAA GaTGCATCAA	2940
	GaTACATGCC GTTAAAAGTT ATTATAGATT ACTTCAAATT ACATATGGAA GGTGACAAAA	3000
5	TATTTATAAC ATCATTATTG ATTATGGCGA CAGGTTTTTC ATATACGACA CTTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA CAAAGTATTT CCGGGGAAAT CTGAAATATT TGGTATCGCT ATGACGATGT	3120
10	GTGCCATTGG TGGTATTATT GCAACGCTAG TTTTACCTAA AGTACTTAAA TATATTGGTA	3180
	TGGTAAATAT GTATTATTTA AGTTCATTTT TATTTGGCAT TGCTTTGTTA GGTGTGGTAT	3240
	TTCACAATAT TGTCAATCATG TTCATTTGTA TTACATTGAT TGGGTTATTT AGTCAATGGG	3300
15	CACGTACGAC AAATCGCGTT TATTTTCAAA ATAATGTTAA AGATTATGAA CGTGGTAAAG	3360
	TACTGAGTAT TaTTATGATG GgATAGAGGT ATGaTTCCAT kGGGAAGTCn ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG ATGTGTTTTG CATTGTTAGA ACTTTTTCAA TAATGGGAAT AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA TGGTATTCTA TTTTATAAAT AGAAAAGTTGA AGTTAAAGTT GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA TATCTTGAAT GGGCAAAGGC AGATAGAAAT ATTCAATATC GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT AAAGAACGTA TTTACCCCGA GCAAACATTT ATTTCGCAAA AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT CAGTATCATA TGCATGTGTT GACTATTGAA GTTGTTAGAA AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT GAGTTTACAG GTGATATTAC TTATTTAAAT AAAGGTGAAA CGTCATTAAT	3780
30	TATAACTTTA GAAGGTTTAT TAGATGTGTT GAATCATGAC TTTGATATCC CTATTTTACA	3840
	GCGACTACGC GAAGAGTTAA TACACAGTCG AGATAGTTTA GTTGAAACAT ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA CAAACGTAA TAAGTCmAAG TTTTAAATTT TCAAGGTAC CACAAGATAT	3960
35	TAACTTTTTT TCakGGTtAC AACATGTAAA AGATAGTGAT AAGACAGATG ATTTAACTTA	4020
	TTCTGAGAGT TTGGTACCAG AGGGGCATCC AACACACCCT TTAACCAAAA CGAAATTGCC	4080
	CTTAACTATG GAAGAAGTAC GAGCATATGC ACCTGAGTTT GAAAAAGAAA TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG ATTGAAAAAG ACCATGTTGT GTGCACAGCT ATGGATGGTA ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT GAAATAATTC CCGAATACTA CAATCAGATT CGTGTGTTTT TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA AGTGAAGACT ATAGAGCGAT TTTAGTACAT CCTTGGCAAT ATGATCATAC	4320
45	GATAGGGAAA TATTTTGAAG CATGGnTTGC TAAAAAATA TTAATTCCAA CGCCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA AAAGCaACTT aTCatTTaGG ACGATGTCTT TAATTGATAA ACCATACCAT	4440
50	GTTAaGtTGC CCgTCGATGC aCAAGCAACA AGTGCCGTTA GAACAGTCTC AACTGTGACT	4500
	ACTGTAGATG GACCAAAGTT AAGTTATGCT TTACAAAACA TGTTGAATCa ATATCCaGGA	4560
55	TTTAAAGTTG CTATGGAACC GTTCGGTGAA TATGCAAATG TTGATAAAGA TAGGGCACGT	4620

EP 0 786 519 A2

AGTGCAAGTC TAGTTAATAA AAATCCAATA GATCAAAAAG TTATCGTGGA TAGTTACTTA 4740
 GAGTGGTTAA ATCAAGGAAT TACTAAAGAA AGTATTACGA CATTATTGTA ACGATACGCT 4800
 5 CAAGCATTAA TCCCGCCTTT AATTGCTTTT ATTCAAAATT ATGGAATTGC TTTAGAAGCA 4860
 CACATGCAAA ATACAGTAGT GAACTTGGGG CCACATTTTG AcaTTCAATT TTTAGTGAGA 4920
 GATTTAGGTG GTTCTAGAAT TGATTTAGAA ACATTACAAC ATCGTGTATC AGATATTAAA 4980
 10 ATTACAAATG ATAGTTTAAT AGCTGATTCT ATAGATGCAG TGATTGCAAA ATTCCAACAT 5040
 GCTGTTATTC AAAATCAAAT GGCAGAATTA ATCCATCATT TTAATCAGTA TGATTGTGTT 5100
 GAAGAAACCG AATTATTTAA CATAGTACAG CAAGTAGTAG CGCATGCCAT TAACCCAACA 5160
 15 CTACCACATG CAAATGAGTT AAAAGATATT TTGTTTGGAC CAACAATTAC TGTCAAAGCG 5220
 TTGTTAAATA TGAGAATGGA AAATAAAGTA AAGCAATATT TAAATATTGA GTTAGATAAT 5280
 20 CCGATAAAAA AAGAGGTGTA GTACTACATG GCACACGTTA ACATAAATAT ATCGAAGATT 5340
 AAaTATAACG CCAAAGTACT TCAAACAGTT TTTCAAAGTA AAAATATGCA ATTCACACCA 5400
 GTAATTAAGT GCATAGCTGG TGACCGTACA ATTGTAGAAA GCTTAAAAGC GTTAGGTATC 5460
 25 AATCATGTTG CAGAAATCCAG ATTGGATAAC ATAATTAGTA TTGCAGATAC AGGATTTAAC 5520
 A 5521

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1261 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

40 AGGTCGTCTr GCaGmAGmGm TATTTGACGA TCTTGCTTTC CCAAAACACG ATGATGATTT 60
 TAACATACTG TCTGATTATA TTGAGACACA TGGTGATTTT aCATTGCCAA TGTCTGTATT 120
 TGATGATTTA TATGAAGAAT ATACGGAATG GCTAAAATTT TAATATAATT TTTAATAATA 180
 45 ATAGTTAGAA CCAGGGTGAT GCAATTCGTT ATCCTGGTTT TAATTTAAAA TAAACTAAGT 240
 TGTGACTAAA AATTAATCAA TTATAGTGAA ATATGGTGCG CTATCTTGCA TAAATTGATA 300
 TGATTAAC TA CACAGAATTT AAAAGTACAT AATACATAAT AAGGAAGTGA TACAATGGAT 360
 50 GATAAGCAAC ACACATCTTC ATCCGATGAT GAACGCGCTG AAATTGCAAC AAGCAATCAA 420
 GACCAAGAAA CTAATTCATC GAAACGCGTT CACTTAAAC GTTGGCAATT CATATCAATA 480

CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAAAGTAT CAAGCAAAGT TAAATAAAAT TGAAAATGTG 600
 TATAAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AACAGGACT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660
 5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAGAA 720
 CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780
 CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840
 10 GCTGGCATTG GTCCTAAAGA TGTCATTACT AAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900
 GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTCTG GGTAAAGAAA AACTGAAGT CACTTTAACT 960
 GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020
 15 AGTGTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080
 GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAAAGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140
 20 ATTGTTTTAG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GSACTACTAG ATGAAGCTGT TAAATGGCA 1200
 AATATTTTGA TCGATAAAGG AAAAAGTGT GTTAAAGTAG AaAAAGGTAA AGATACTGAA 1260
 G 1261

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2488 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

35 AAATATATTG AaAGAAaAT TACTAAGATT AAATChTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60
 TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTTATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTCGTCATG 120
 40 GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGTAT TTAAGGATG GGAAGATGTT AATTTATCTG 180
 AACAAAGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240
 TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300
 45 CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360
 ATGCTGGATT GCAAGGCTTA AATAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTTGGA GAAGAACAAG 420
 TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACCTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480
 50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATTCTG 540
 AAAGCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTTCACAAT 600

55

	TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTAA TTATGAAATT AAAACAGGTG	720
	CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT AGATAAATAC TACTTATAAA	780
5	AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG CTCTTAAAtA TGTGAAGTAA	840
	TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC TAGGGATACT CGAAAATATA	900
	GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTAAAAC AATTATTTTCG CTCTTTTATG TTGCTTAATA	960
10	ATCTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTAATG TTAGGGCTAT TTAAATTACG ACGAGCAGTC	1020
	TGTAAATCTA ATTCATCTC TATCCCTCCT TGTAATATA TTATGACCGA TAACTACTCA	1080
	TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT AAAGTCGTGC TAATTTTTTG	1140
15	GAAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG	1200
	GAAGCTTTAA ATGTCGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT ATTACTATGC TGATGGGTGG	1260
20	ATTTTTTGGa TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT TTACCAAGTA TTATGAAAGA	1320
	TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA GCTTTTTTAT TGACTAATGG	1380
	GATTGTTATT CCTTTGTCCG CGCTTGTTAT ACAACGTTAT ACAACAAGAC AAGTGTTTTT	1440
25	AGTGGGTATT TCTATCTTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC GGCTTGAGTC CGCACTTTGC	1500
	AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA GGTATTATGA TGCCATTGAT	1560
	GATGACAACG ATTTTGATG TTTTCCAACC ACATGAACGC GGTAAATATA TGGGGATATT	1620
30	TGGTTTGGA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT CTTTCAGGTT ACCTTGTTGA	1680
	ATATTTTAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTCGCTCCA ATTGCAGCTG TGACATTTTT	1740
	AAITGGaTTT AAAAcGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT AAAGTACCTA TTGATTTTAT	1800
35	TTCTGTcATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCGG cGGGTATTG tATGGAACGA GTTCaATTtc	1860
	AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTAcGtATTA GTATCTATGA TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC	1920
40	GCATTATTTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT TATTaAATTT TGCTGTATTT	1980
	AAAAATAAAC AATTTACAGT TGGTATCATT ATTATGGGTG TCaCAATGGT ATCGATGATT	2040
	GGTTCGAAA CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT TGCATCGTTC AGCTTTAGAT	2100
45	TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT TTATGTCGAT GACTTCGGGT	2160
	GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTTGCTTTAG TAGGTATGGC GATTGTTGTT	2220
	ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT CAACAATCAT GTTGGCAACA	2280
50	GTTTATGCGA TTCGAATGGT TGGTATCGCG TTAGGATTAA TTCCAGTAAT GACCCATACG	2340
	ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT CTATGACAAA CACAGTACAA	2400

55

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1105 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

15	TTTACAAATT TCAGATATCT CTAAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA	60
	AAAATTGAAA AAAGTAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC	120
	AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAATGCTA TCAATCGAAA	180
20	AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGGAT TAATTTGTGC	240
	AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAAAGA TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG	300
	GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAAGTGTAAC CACACCATAA	360
25	AACTAAAACT GACTAGTTCG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGTAATA GTCAGTTTTG	420
	ATTTGATTAT AGCTAAAATA TCAAAGGTAA TCGATTAAAT CTTATTTTTA CGGCCTTTGT	480
	TTAAGTAAGT TGTTATATAT TTCTTTGAGT TGTTGTTTAC TTTTAGATGT CGTTTTTGGT	540
30	TCGTAATAAA TTTTGTTTTT TAGTTTATCA GGTAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA	600
	ACATATTGGT GTGGATAATT GTAACCAATA GATCGGCTA GATCTTTAGC ACCTTGATAA	660
35	TGTCCATCTT TTAAATGGTT TGGAATTTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT	720
	GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCGATTACT	780
	GCTTGGCTTA GTGGAATCT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA	840
40	GCAAGTGTTT TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA	900
	AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT	960
	AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTGGG AAGCGCTCAT AACATCGTAA	1020
45	TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT	1080
	TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT	1105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 579 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5 TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA 60
 TAAACTTCTG TTCTGTCTGT TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT 120
 ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC 180
 10 ATATATAACA AATCTTCAAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA 240
 ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTACG TGCTGAAGAC 300
 TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTC GTTGCTCGAA TAATTCTTCT 360
 15 AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTTTGAGCT AACAATCTT GAACTGTTC ATCAAATkGA 420
 TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATTGTG 480
 ACTTCGACAC CTTTTTCAAA GGCATGTACT TGAATCCATA ATGGACCTnC TACAACAAAA 540
 20 TCTTCTACTT CGTTAATTTT ATCCATCATT GAnCAAAAG 579

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1342 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGACTTACAT 60
 35 CAGGTTGAAC TGTCATCTTT TTAGTTACTT TGTTTTCAAG CGTAATATTT GCTAATTcTA 120
 GGtTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CtTGATACTy CTCTTGATAT 180
 TTTCCAGCTT TAGCATTGTA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT 240
 40 TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGTT 300
 AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTTACTA 360
 GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCAA AAACATTGTT AACAGATAAA 420
 45 AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTTACT TTCTAGCATA 480
 TTAITTCACA CTTTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTTCAAGCA GCAACTCTTC 540
 AAAAATTTTCG TTTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC 600
 50 AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC 660

TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT 780
 AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT 840
 5 TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT 900
 TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTTCTCTT CATCTTTACT 960
 ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG 1020
 10 TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCCATTGAA TAACGATATC 1080
 GAATAATTTA GATGTTGCAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT 1140
 TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG 1200
 15 ATAAAGTACA TACCAAACTA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT 1260
 GAGGTTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGGTAATA TTTTTCATA 1320
 20 ATACCCATTA TACCAATCAT TT 1342

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1073 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTACT TATCAACCAA ATAAACGTAA 60
 ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAAATGGCC GTAAAGTTTT 120
 35 AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG 180
 TGAtCTkTTT TTTCTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAAT TATGTTATAA GCTCAATAGA 240
 40 AGTTTAAATA TAGCTTCaA TAAAAACGAT AnATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC 300
 TTACCGAATT AAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAAGGTC ATTCTGTAGC 360
 CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG 420
 45 TATTAGTGTT TCTAAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA AnAGAGCAAT 480
 ACGTGAAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC 540
 AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTACT 600
 50 TAAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAAnAGAT TAAGTAAGGn TAGGGTAGGG GAAGGAAAAC 660
 ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG 720

TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTTCG 840
 ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT 900
 5 AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCATATT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG 960
 TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGTtAA GAGCGCCAAr AACATTTACA CGCGArGATA 1020
 10 TTATAGAgAT TAATTGTCAT GGTGGtATtk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA 1073

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3176 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT 60
 AAATGGCAAA TGGAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA 120
 25 TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAAGC CTAAAAATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT 180
 GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAAGATA AACCCTAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG 240
 CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTTAA TTTCATTAAT ACCCCAGTTG 300
 30 AAATTGTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA 360
 TTACAAATGC TTGGAATAA CTGATTGAT CTACTGTTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG 420
 AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG 480
 35 GCACACTAAA TAAATGTTCT TCGATGAAAT CATCAAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG 540
 GCACCATACC CACTAATACA TGTAATAAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT 600
 40 GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTTGTGTT TACCAATATG TAAAATCTCT AAGAAGCGTT 660
 CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA 720
 ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA 780
 45 TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA 840
 TACCTTTTaT TAATTCATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAATT 900
 ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTTAAAGACA TGCTAGTTAT 960
 50 AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AACTACAAT 1020
 ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT 1080

55

	TTCTTGGTCA GTACTGGTCT CGGCATAATC GTTATAACGC AAAATATTTT AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA AAATTATAAG ACATCAAITT CAAGGTTTAT GGATTGTATT ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT TACTTTTAAG AGCAACTGTG CAATTTCTAA ATCAATGGTT AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA AAGTTAAGCA TATGCTTAGA CAGCGGGTTA TTTATAAAAA TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG AACAAATGAC TATACTCACA GAAAACATTG ATGGTCTAGC ACCTTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT TGCCTCAAGT GTTCAAATCA ATGATGGTTC CGCTCATCAT AATCATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA TCCATTTCAA TACCGCAITTA ATTATGTTAA TAACTGCACC ATTTATTCCT	1560
	TTGTTTTATA TTATTTTCGG TTTGAAAACG CGAGATGAGT CAAAAGATCA AATGACTTAT	1620
15	TTGAATCAAT TTAGTCAACG GTTTTTAAAT ATTGCTAAAG GTTTAGTGAC GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA CAGAGCAAAC AGAGAAGCaT ATTTaCGACG ATAGTACTCa GTTTAGAACT	1740
20	TTAACAATGC GCATTTTaCG CAGTGCTTTT TTATCGGGAT TAATGCTCGA ATTTATAAGT	1800
	ATGTTAGGTA TTGGATTGGT TGCATTGGAA GCAACGCTAA GCTTAGTAGT ATTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA AAAGTGGCGC AATTGCGATT ATTTTAGCGC CTGAATTTTA TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG GGCAAGCGTT CCATACTGGA AAACAAAGTG AAGGTGCCAG TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT TAGAACAACC GAACTATAAT AATGAATTTT TATTAAAGTA TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT TTATTCAGTT AACAGACATA TCATTTTCGAT ATGATGATTC TGATAGATTG	2100
30	GTATTAAATG ATTTAAATTT GGAAATATTT AAAGGTGATC AAATTGCACT TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCGAG GTAAATCCAC TTTGACACAT CTTATTGCAG GTGTTTATCA GCCAACAATA	2220
	GGTACTATAA GTACAAACCA GCGTGATTTA AATATAGGAA TACTTAGTCA ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG CTTCTATAAA AGAGAATATT ACGATGTTTA AAGATATAGA AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG TGCTAGACGA AGTAGGTTTA TTAGACAAAG TGCAATCTTT CACAAAAGGC	2400
40	ATTAACACAA TAATAGGTGA AGGAGGCGAA ATGTTATCTG GTGGACAGAT GAGACGCATA	2460
	GAACTTTGCC GTCTTTTAGT TATGAAGCCA GATCTCGTTA TATTTGATGA GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA TTCAAACAGA ACACATGATT CAGAACGTTT TGTTCACAA TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA TTGTCATTGC ACATAGAGAT AATACAATTC GCCATTTACA ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA ATGGAAGACT GATTGCTGAT GATCGCAATA TTTCAGTAAA TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG ACTTATGAAA ACACGACTAA AATTTCAAGT AGATAAGGAT TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT TGGTGTGTTT GGAAGTTTAG TTGCGCTCGC CATGTTTTTC TTAAGTGGTT	2820
	ATATGGTGAC ACAAAGTGCA CTTGGTGCGC CACTATACGC TCTGATGATT TTAGTCGTTA	2880

55

ATAAAGCTAC ATTTACAATG CTACGTGATA TTCGGGTACA GTTTTTCGGT AAATTAGTAA 3000
 ATGTCATTCC TAATGTTTAC CGTAAACTGA GTTCTAGTGA TTTAATTTC ACGTATGATTA 3060
 5 GTCGTGTTGA GGCAATTACAA AATATAKATT TACGTGTTTA TTATCCACCA GTCGTCATCG 3120
 GTTTGACAGC GCTAGTTACA GTCATAGTTT TGGCGTTCAT TTCAATCGGC CATGCG 3176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2109 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

20 TCTTTATTTT AATTTCCAAT TGAATTTTTT TATTATTTAC GCATAGCTCT TAAAATTAAC 60
 GTTACGATTG CAATTAAGAT AATTGAACCA ATTAATGCTG GCAAGATGTA AATACCTCCT 120
 AATTCAGGAC CCCATTGTCC GAATAGTTTG CCACCTACCC ATGATCCAAT AATACCTGCG 180
 25 ATAATATTGC CTAATAATACC ACCTGGGATA TCTTTACCCA TAATAGCACC AGCAGCCCAT 240
 CCAATTAAGC CACCGACAAT TAACATTCCA ATAAATCCAA ACATAATTTT CAGTCTCCTT 300
 TTTCTATTTA TTTTGCCTTA TTCTAAGTAG TACCCCTTAT TTACAATTCT AAAACAAATT 360
 30 CAAATTAITT TTATCCAAAT ATTTTAAAAA GTAGTAATTG AATATCAATT TTATTCAATG 420
 TAGCTATCGT TATTTAAAGT CTCTGTACCG ATAATATCAT ATACATTTAC ATTATTTTTT 480
 CTGCCGAATT CATAGCTTGA TTATTTTATG TTATAGGACT AgAATATACA CATATTATTA 540
 35 GAGCATCTTT GAATTTTAAA TCAAGAAGCG AGGTAAATGA ACAATGAATA TGCATATTTT 600
 ATATAACTTA CGAACTAAAC ATAATTTAGA AATTGACGAA TTAGCACAGC AATTAAATGA 660
 40 GAAATATGGT ACTAAATATG AAGCACATCA AATTGGGAA TGGGAGAATC ATCACCATGA 720
 ACCTAAATTT AAAGATGCCA TGCATTTAGC TGACTCTTTT GATGCACCAT ATGAAATGTT 780
 TTTAGAAAGT AAGGTTAAAG AATATCAGAA ACATTTAGAA GAAGTCGATA TTCGCATGGA 840
 45 TAAATAGATG CAAATAAACC CTCACAACAC GTTTGGCATA TATCCTTTCA AATCTATACT 900
 GGATATATTA CATTACGTTG TGAGGGTATT TTATTAATTA ATATGAATTA AGACATTTTA 960
 CAAGCGTTAA TGCAACGAAT CTTTTTAGTG ATCTTGCTCA CTCTTTAATA CTTTACCGTT 1020
 50 CTTAGCATCA ACAGTAACTT CTTGTTTTTT ATTACCTTTT TTCAAATCGA TATTGTAAAC 1080
 AAGTTTGCCA TCATCTTTTT CAAGTGACCA TTCTTTAATA TCACCATCAA ATTCTTTTTG 1140

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

ATTCAATGTA TCTTCTTTTT CAGTCTTTTT GTTAATCACT TTTTATTTTT TATCAGCAAC 1260
 AAGTACTTCT GACTCTTCAC CAGATTTTTG TTGCGTCACT TTATAAGCCC ATTCACCATT 1320
 AGAATTTTCA AATGAAATTC CTTTCAACTT TTGGCCTTTG TAAGTTTCTT CAGCTTTTTT 1380
 CACAGCATCT TCTGGGCTTG TTTTAACATC TTTTAAAGCA ATAACATCTT TGTTGTATT 1440
 AGTGTCTTGA TTAGTATTTG ACTCTGTTGA TTTTGTTCAT TCTTTTGGAG TATCATTGCC 1500
 ACATGCAGTA AGCACCACCG CTGACATTGA TAACACTGCT AATGATTTTA ATTTCATAAT 1560
 ATCACTCTCT CTTCCTATTT TTGAAACTCA TAACAAAAGC TTATATGCTA TATAGATTGT 1620
 ATTACCCCTT GTTTTTAATT TTATTCATAA TTATTACAAA TATTTTAAA TTAATCGTCA 1680
 TCGGTTACTT TCGTTCGTAC TCCTTTTATA AATGAACCAT GTAATATAAG CATGCTATTA 1740
 TCGACTCAGT TTGTCTAATG CTTTCTTTGG TACTTCTTCC TTTTCAACTT CTTCAAAAGT 1800
 TTCTACATGA TGACCTTTAT GTGTAATTTT CAAGTATCTA TGCGGTTTAA CATCAAATGT 1860
 AGCAGTATAC ATTAATTGCG TCTCTTTCCC TTCTTTATTA AAAACACTTT GACTATAACT 1920
 TCGGAGTTGA TCATCCATTC TAGTAGACAC CTCTGTCGTT TTAACATAAG AATCATCCTT 1980
 CTTTACTAAT GGGTTAAATT GATCTGTTAT ACCATGGGAG TCTATTGTTT TTAAGATGAA 2040
 TAAAGCAGCA TAAGCGCCAA TGATAGTAAG TACAAGATAT GtKATTGTTT TTAAGATCGT 2100
 TTCAAAAGA 2109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 813 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40
 45
 50
 55

GTTACATAAA TGAAAACAAA AAAGATAATT TTAGTGCTTA TGCTACACCA GAACATAATT 60
 ATCAATTTGG TGGTGCTATG ATAGAAAGTG AAAAATTAAG CGAGTTACTA AAGCCAGCCA 120
 ATCAGTTAAA ATCACCAGAT GATATAAAAA AAGAACTAAA TAAAAAGAAG AGTCACTAAA 180
 GTTAGGAGTT ACTTTAATGT CCAAAAAACA TGTTTTTATA ATTATTGGTG TCATATTGTG 240
 TATATGTACA GTTCTACGG TCATGCATTT TAAATGAAA TATGATGAAA AAGAAAAACA 300
 AAAAGCGATT TACTACAAAG AACACAAGA ACGTATTACA CTCTATCTTA AGCATAATAC 360
 TAAAGAAACG AACACGATTA AATCTGTACA TTTCACAAAC TTGGAACAA GTCCTATGGG 420

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GAGTAGATAA 540
 ATTATTAAAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600
 5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCTTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660
 TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCCA 720
 10 GTTTTGTACA GTACATTAAAC ACAAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAWT AaTAGTTTGG 780
 CCATTATAAG AACAAATATAT ATCGAnTAAC AAT 813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 640 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60
 25 TACACTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120
 TGTAGATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180
 AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240
 30 GTCATCCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTAT ACATACACAA 300
 GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTTTAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360
 ATTCATGATT CAATTTTTGT TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420
 35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTTAA CTTATCAAGT AATTGATTTA AATTGTCTAA 480
 TTCGACTTCC GATAAACATT GACATCTTGC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTTAT 540
 40 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600
 GCTAGATTGT TGACTTGTGA TGTACCCnnT CAAAACATAAT 640

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

55

TTCTTGGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAC 120
 ATAAACATTT CTATTTTGCT CTAATGCAAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180
 5 CTTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TGCCTCAGG 240
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTC 300
 TTCTATTTTA TTTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360
 10 TAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TGCATCAGC 420
 TCCTTGAGCA AGGCCGAAA CAATTGTAA ATATTTGCTT TTATCATTG ATAATAAAAA 480
 TTCTAAAGAC TGTGGGTAT AACTGTAGA ATCTCTGCA CCTACTACTG CCAAATGATG 540
 15 CATATTATTT ATTAATTTGA TGTCCCTTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600
 TTCTTTAAT AGCACTGGGT ATTCAGAATC CATATATGTA ATGTAACCTA CTTTAAATTT 660
 20 CTGCAGTTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720
 TAAATGAACA TTTTCTTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780
 CTCCTCTTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAAATTGA TGAATTTGTT TAGTCGAAAA 840
 25 GTGTGCCCAG TATAACTTAA GCAAAAATAG TTTAATCAAT AAATCAACTC CTTTTGTAA 900
 TCATACAAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTTCTAA TACAAAAACA TTGTCGATGT 960
 AATGTTATTT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TTA AAAAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020
 30 TTAAAATTTC AATTCCAAC ATACTTTATA ATTAAACCTT ATAAATAAGT TTTGCAAATT 1080
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTTGATGA AATCACCAAT TAATTCTCA ACATGTGCAT 1140
 TAAAACCCTT TTAAATTG 1159

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1879 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGGTCT TCAAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTCGCTAT TTAATTTTG TTTTAAATTA ACTTTAGTAA 180
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

55

	ATCAGCTACT GAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTTTGAAG TCATGTCTGC	360
	ATTTGGAAC TGTGGACTAT CGCTTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT	420
5	CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT	480
	AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATTCCA TTATCCAAAA GAACGTATTC AAATAGGATA	540
	ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAAC TGGAACCTAG ATTGCTTTTT	600
10	TAGTTTGTAT TTTTAACTTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAATGGT AACTAGTAA	660
	CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAAAA TGAAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACTAC	720
	GTCAGATATG CATAGTCATT TCTTAAATGG TGATTATGGT TCAAATATTT ATAGAGCTGG	780
15	TACTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGCGG	840
	AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGACCTT ATAAACGACA	900
20	TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA	960
	ATTCAAGTTT GGTTCATCAT TTTTAACTCG TTCAATTGCT TTGGCACGTT TTCCATGGTT	1020
	ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT	1080
25	TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA	1140
	AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA	1200
	ACGTTGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGTATTG TAATTTATCA	1260
30	TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC	1320
	TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA	1380
	AACAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCAAG GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA	1440
35	GCTTGTACAT CTTTCGATTA ATTTTAAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TGAAAGCAT	1500
	TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC	1560
40	ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT	1620
	GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTGCAATT	1680
	ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTTGA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT	1740
45	GaACGGAGAG AAGGGGTTGA GTGGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC	1800
	ATaTCCAGAT aAGCCaTGGG tATGACAATT aGTGGTCAAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT	1860
	ATAGTTATTC ACCATTAGG	1879

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2710 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

	AATTCCTTCTT TTTTCTTCTT CCATTTTnCC ATCCACTGGT CCTTACGGGA CCATATTATT	60
10	TnAAATTGGA nAAAAATTATt TTAAAGaTTA TwACTACTCT TtAATCATTt TrGTGAATTa	120
	AAAAAAGTAG TGCAAAAAGC AAAATATACT TTATACACTA CAAATCATTt ATTTATAATA	180
	AAGTTTCACC AAAAAATGTT CCAACTAATG AAACCGCTTG TTCAGCAGTA TGATTATTAC	240
15	TGTCAATCAA TGGATTTACT TCAACTAAAT CCATTGAGGA AATTAAATGT GATTGATGCA	300
	GTAATTCCAA TGCAAAATGG CTTTCTCTAT AACTAAGACC ACCCAAACT CTAGTACCAG	360
	TGCCTGGCGT TTCAAGCGGA TCTAAAGCAT CAACATCTAA AGATAAATGA ACGCCATCAA	420
20	CATTGCGTGA CTTCAAATAT TCTATTGTAT TTTCAATTAC TTCCTTTATC CCCAATTTAT	480
	CAATATCTGA CATAGTAAAT GTTTAATAT TATGATCTTT GATAAATTGT CTTTCACCTT	540
	TATCTAAATC TCTCATACCA ATTAGTACGA TgTTTTCTGG CTTGATTACA TTACnATTTA	600
25	ATTCTAAAAG TTCTTTGGGA CCTTCGCTG TCAAAATCCT TAGAGGCATA CCATGAATAT	660
	TTCCACTTGG TGA CTCTTCA GGTATATTa AATCACCATG TGCATCATAC CAAATAACAC	720
	CTAAATTATT ATAATGTTa CTTATTGCTG ATACTGAACC TACCGCAATA GAATGATCTC	780
30	CACCAAGAAC TAGAGGAAAT CTGTTATTTT CAATTGATGC TGAAACCTCT TTATTTAATT	840
	TTTGATTAAC ATCTATAATT TCATCATAAT TTCTTAATCC TTTTGTTCa CTATGAAATT	900
	TTTCAATGTT CACAGCAGGt ACCTTAATAT CCCCCTTGTC ATATACATCA AGGTCTAATT	960
35	GCTTTAATCT TGAAATTAAT CCAGCATATC TAATTGCTGT TGGTCCTAAA TCAACACCTA	1020
	ATTTTCTTTG TCCAAATGTT GATGGTGCAC CTATAATATC AATTGCTTTT GTCTTTGTCA	1080
40	TAAGCGTCCC CTTTGCTCT ATGTAATTAA AGAATAATGT ATGCGCTTAC CATTATCAAG	1140
	CAATAGCTAC ACATATAATC TGTTTATCTT ATTACTTCAT AAAAAAAGGT TCTTCATCTT	1200
	TTATGGTGGG AAGGTAATAAC TTCCTGCTTT TTTTAATACA CAAAAAGCGC AATTGCCTCT	1260
45	ATAATTTAAA GTGACCAAAC CCAAACTAAA GGAGACAAGT GCGCCTATGT GIAATGATAC	1320
	CTTAGAATTA CTAAGAATAA AAGATGAAAA TATAAAATAT ATAAACCAAG AAATTGACGT	1380
	CATTATCAA GCAAAAAAG CAACAGTGGT TAATGCTGTA CTAACGTATA AGCCTTCGGC	1440
50	CTGTTATTGT TGTGGAGITA AAAATGAAGG ACAAATTCAT AAACATGGTA AGCGTGTTC	1500
	TCGTATTACT TTA CTTAAAA CTCAAGGGTA TAACACATAC CTCAACTTAG CTAAACAACG	1560

55

GTGTTTTATC TCAAGATGTG TTA CTCAAAA AGTTATAGAA GAAGCTACTA AAGTTAAAAC 1680
 AGAGATTGAT ACTGCAGAAG ATAACTGTAT CTCTCCATCT ACTGTAAGTC GTATTAGAAC 1740
 5 TAAAGCGGCT AATTCATTAC GAATTAAACC CTTTAATTGT TTGCCAGAAC ACATCGCTAT 1800
 GGATGAATTT AAAAGCGTTA AAAATGTAAC TGGATCAATG AGTTTCATTT TTATAGATAA 1860
 TGATACTCAT GATGTTATAG ATATTTTAGA AAATAGAACT ACAAGATTCT TGCCTGCCTA 1920
 10 TTTCGAGCGA TTCGATTAA AAAATCGACA ACAAGTTAAG ACGGTTACTA TTGACATGTA 1980
 TGAACCCTAT GTCCGATTAT TTCGCGACCT ATTTCCCTAAT GCAGCTATTA TTTTGTACAG 2040
 ATTCCATATC GTTCAACATT TAAATAGAGA ACTTAATAAG TATCGTGTAC AAGTTATGAA 2100
 15 TGAATACCGT AATAAAAAAG GACCTGATTA TACAATTTT AAGAATAACT GGAAAGTCCT 2160
 ATTGATGGAT ACTAGTAAAA CCATATTTAG TAAATACAGA TGAATAAAT CTTTTAAGGC 2220
 TTATAAACGC TCATCTGACA TTGTAGAATT CATGCTTTCA AAAGACGATA TACTACGACA 2280
 20 CTCCTACGAA CTTGTCCAAG GATTACGAAA AGACCTAAGG TTATGTAATT GGCCTAAATT 2340
 TATTAATCGT TTAAATTCAG TTAGTAAAA GTCTGTGAGT AAGGGTGTAT GGAAAGTGGT 2400
 TAAATATTAT AGAAAACATC AAAGGATGTT AAGAAATACA ATTTATTACC CAGCATTTAA 2460
 25 TAATGGTGCT ATAGAAGGAA TTAATAATAA GATAAAATTA ATCAAGTGAA TTTCTTTTGG 2520
 TTACAGAAAT TTCAACAAC TTAAGCAGC TATAATGATG aTTTTCAGCT TGTACAAAGG 2580
 30 AGaAAAAAAG AAGACAACCA AGCCCAATAA TGGACTGGCC GCCTAATAwA nGGGskCTAA 2640
 AAGTTgTATT TTTAAAAATA GTTCCTTTAA ATTATATACC CnCCACATTT GGGGGAGGAC 2700
 CTAAAAAAGC 2710

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 422:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1027 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 422:

45 CATTTTAATT GtTaAAATTC CAAAAAAtGT ArGTGGATTw AAAGrAAACC CtGTGTTTTT 60
 AAAAGGtACC ATTaAAATAg TTCCGATTGT ACCATCCAC GTGAAAtTTT TAgTAtTGCC 120
 GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC 180
 50 GCCCTCACAA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTTGAAG GAGTGTGGTT TGATTTTAGG 240

55

GGGTTACTTT GATGAAAATG ATTGAAGTTG ATAGAATTAA TGACGTATCT TGTGTATAAT 360
 ACCTACGAAG TACTTTCATT GGAGGAAAAA TAGTGACTCT ATTTATTATT ATCGGGGTTT 420
 5 TCGTGCCAAT GGTTTATACC ATGCAGTTAA ATATTAAAAA TGAACCTGTa ACAAAGCGCA 480
 ATCTTTTAAT AACATTAGCT TTATCTACGT TAGGTATTTT AGTAACCGCG TTAGCAGGTG 540
 TAATCGTTAC GAAACAAGCT TTTCTTTTAT TAAGTGTAGC AATTGGCTCA ATTTTACTG 600
 10 GAATCGTTTG GGGCCTTTTA CTAAGTGGA GcTACGCGCT GATACGATT TTATCTAACG 660
 CATTTGGGCG TAAGTAATAG TAATCTGTTC ATCAAGTAGT ATCCGTGCTT GAAAACAAAC 720
 TAAACTCCT AATGTGGAAC TAGTTAAAAA ATTCTAAACT AGTACATTAG GAGTTTTGTT 780
 15 ATGCAGAATA AATTTAATTG TTAAATTGAA AGTGCGGTAA AAATCCACTA TTTATTTGAA 840
 AAAAATCGAG CAACCAAATT AAACCTTGAT ATCCTAAGTA AATACATAAT AAAACAAGTC 900
 CGACATAAAT TAAAAATCGC AAAATAGAAA GTCCAACCTCT AAAAAGGAGG ATGACTAATA 960
 20 GTGCTATTAA AATAATTGT AGTATACTCA ATGCTACAAA CCTCCTaTA CGCTTTTAA 1020
 TCCATAA 1027

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 423:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 569 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 423:

35 CGGCACATTT TTAATTTATA CATATTTTAA AACTAAGTAA CAGTTTGAAG AAATCGTAGT 60
 TCAATAATGT TAATTGTGAA AATGTATATA AACATAAAAA AATCATGTAT AATATATGTT 120
 GTTAATTAAA CAGTTCGAAA GCGAGATGAC ATTATGGGAC GTAAATGGAA TAACATTAAA 180
 40 GAAAAAAGG CCCAAAAAGA TAAAAACACA AGTAGAATAT ATGCGAAATT TGGTAAGGAG 240
 ATTTATGTTG CAGCAAAATC TGGTGAACCC AATCCAGAAT CTAACCAAGC TTTAAGGTTG 300
 GTGCTTGAAC GCGCTAAGAC ATATTCAGTG CCGAATCATA TTATTGAAAA AGCAATAGAT 360
 45 AAAGCTAAGG GTGCTGGAGA CGAAAACTTT GATCACCTAA GATATGAAGG ATTTGGCCCA 420
 AGCGGATCAA TGCTAATTGT TGATGCGTTA ACAAATAATG TAAATCGTAC TGCCTCTGAT 480
 50 GTGCGAGCTG CTTTTGGTAA AAACGGCGGT AATATGGGTG TATCTGGATC AGTTGCTTAT 540
 ATGTTGTCAT GTGGCCACAT TTGGTATTG 569

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3264 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 424:

10 TGGACCTATA AAATGGATGC ATCCAAATAT GGATGnGGGG TAnGGCGGGa AAATAGGaGG 60
 TTATATAGTA AGTCATTTAA GTCGAATAGC CATCCTTTTT AAAATGAAAA AAATAGAAAG 120
 CTCAATAGTT TGTAAAGCC TTAAATAGC GTCGTTACGC AATTTTAGAA TGCTAAAAAT 180
 15 TGTCACAAAT TTCAAATTAC GTGCTAAAGC TTGAGATATC AATATTTATT GGCGATAGAG 240
 TGTAATTGA CTCCGCTTAC ATCTCAGTTT TATGTTTGA ATTTGGTAGC ATAATATTAT 300
 AATAAAATAA AATTGTTAAT CTTTAATTC AGTATAGATA TTTTACGTG TAGTCACGTG 360
 20 TAAATAAAT TCAATTAGGT TAGGAGACAT AATTATGAAA ACATTTGGTA AAAAGGTGT 420
 ATTAATCGGA GATGGATCTG TAGGATCAAG CTATGCCTTT GCAATGGTTA CGCAAGGTGT 480
 TGCTGATGAA TTTGTAATTA TTGACATTGC AAAAGACAAA GTAAAAGCAG ATGTTCAAGA 540
 25 TTAAACCAT GGTACAGTCC ACAGTCCTTC ACCAGTTGAT GTGAAAGCAG GTGAATACGA 600
 aGaCTGTAAA GATGCAGATT TAGTTGTTAT TACAGCTGGT GCACCTCAA AGCCAGGTGA 660
 AACACGTTA CAATTAGTTG AAAAAATAC TAAGATTATG AAGAGCATCG TTAAGAGTGT 720
 30 TATGGATAGT GGCTTTGATG GATATTTCTT AATCGCGCA AACCCTGTAG ACATTTTAAC 780
 AAGATTTGTA AAAGAATATA CTGGATTACC AGCAGAGCGT GTTATCGGTT CAGGTACTGT 840
 35 ATTGGACAGT GCACGTTTAC AATATTTAAT TAGCCAAGAA CTTGGTGTTG CACCTTCAAG 900
 TGTGACGCT AGTATTATTG GCCAGCATGG TGATACTGAA CTGCAAGTTT GGTCACAAGC 960
 AAATGTAGCA GGTATTTTCA TATATGACAC ATTAAAAGAA CAAACTGGTA GCGAagcTAA 1020
 40 AGCGGAAGAA ATTTATGTGA ATACACGTGA CGCTGCTTAT GAAATTATCC AAGCTAAAGG 1080
 GTCAACATAC TATGGTATTG CATTAGCATT GATGCGCATT TCAAAAGCCA TTTTAAATAA 1140
 TGAAAATAAT GTCTTAAATG TTTCTATACA ATTAGATGGT CAATATGGTG GTCACAAAGG 1200
 45 CGTTTACCTA GGTGTACCAA CATTAGTTAA CCAACATGGC GCAGTTAAAA TTTATGAAAT 1260
 GCCATTAAGT GCCGAAGAAC AAGCGTTGTT CGATAAATCT GTTAAACAT TAGAAGATAC 1320
 ATTTGATTCA ATTAAATATT TATTAGAAGA CTAAGCCTAT TTAAGTATT AATTAGAAAT 1380
 50 ATATTAATGG TAAGAGGATC TATTAGTGTT GCAGTAACAC GTGGCACTGA TAGGTCCATT 1440

55

	TATGACTCGT GAAAATTTAG TGACATGAAT AAAAATGTTG AGGCGTCATT GAGTATAAAG	1560
	GAAAGTAGTT CTGCATTAAT CACGAaGTAG AGCATGACma CGAGGAATAA CTATAGGGaG	1620
5	ATGGTTTTGG AATGACGAtG TCTTGTATCA ACATGGTACA TTAGGTACGT TAATGGCTGG	1680
	CTTACTAGAA GGCACAGCTA CAATTAATGA ATTGTTAGAA CATGGAATT TAGGGATTGC	1740
	AACGTTAACA GGGTCTGATG GCGAAtAATA TTTTtagACG GAAAGGCATA TCATGCTAAC	1800
10	GAGCATAAAG AATTTATAGA ATTAaAAGGC GATGAGAAAG TACCGTATGC ATCGATTACT	1860
	AATTTTAAAG CGAGTAAGAC ATTTCCATTG CAACAATTAT CACAAGATGA TGTATTTGCA	1920
	CAAAATAAAA ATGAAATGTT AAGTGAGAAT TTATTTTCGG CTGTTAAaAT TTATGGCACA	1980
15	TTTAAACATA TGCATGTACG AATGATGCCT GCTCAGCAAC CGCCATATAC ACGTTTGATT	2040
	GATTcAGCAC GCAGACAACC TGAGGAAAAA AGACAAGATA TTCGTGGTGC CATTGTTGGA	2100
20	TTTTTTACAC CAGAATTATT TcATGGCGTA GGGTCTGCTG GTTTTCATAT ACATTTTGCG	2160
	GATGATGAAA GAGCTTATGG TGGACATGTT CTTGACTTTG AAGTGGATGA CGTTGTCGTT	2220
	GAGATACAAA ACTTTGAAAC ATTCCAACAA CATTTCcCGG TAAATAACGA GACGTTTGTT	2280
25	AAAGCGAAAA TAGACTATAA AGATGTGGCA GAAGAAATTA GAGAAGCTGA ATAGTCTAAT	2340
	ATAATTAAAA GACCTTAGCG ATATTAGGAA CAGGTGGTTC TAAATGCATC GTTAAGGTCT	2400
	TTTTATATTA TATATGTGCT TACATATTTT GTTGATACGC GCGTAAAAAG CTATAAATAG	2460
30	TATCAAGATA TGGGGTGTCA AGAATGTGTT CACGTGCACG TCGATAAATA AAGCCTTGAA	2520
	TCGCTTCGAC TTCAAGAGGT TGCTGATGCG CAATGTcGTA ATACATGCTC GTTCCCATTT	2580
	CGTCGGGATA ACCTTGATAT ATAGTCATAA TAGTATCGAC AGTTTGTCTT GAAAAGTTTA	2640
35	ACCCCTCTGC CTGTGCAACA CGACAACCAT CTAGTAATAG CTGTCTACAC AGTGTAAGTA	2700
	TTTCAGGATT ATGCATGATT GCAACGGTCT GTCTACCGAG TGCTGTGATA GAATTAATGC	2760
	CCAAGTTAAC TAACAATTTA TACCAaATAG CTTGTTGAAT ATTTGCTTCT AATACAATGT	2820
40	CGATTTGACT GTCTTGGAAC AAATCTCTAA ATTGTcGAGT TAATGCATTA TCTTGATAC	2880
	GTAATTGATA ATCTCTGAAG TGCGTAACAA CATCGCCTTT CTTTTGACCA CTATATAGA	2940
	CAACTGCTTG GCATACGTTT TTAAATGAAA TATGTTcGAG TTGACCATAA CCATTTTGGG	3000
45	CTAAaATGAT GAGCGTGICC TCATGTGCAA GATGAGTTAA ATGAGGAATA ACTGCATCAA	3060
	GTTGATGTGT TTTGACTGCA ATAATAATAA CATCAaATGT GTTTGTGACA TCTTCATAAC	3120
50	CTTTCACAAC AATATCTTGT GCAGGTGCAT GTGGTACAGT ATAATATGTT ATTGTTTTGG	3180
	CGTGCTCCCC GATAAGCGTT GTATGAGGCA ATGATTGTTG TAATTCATAG GCAATAGTTG	3240

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

```

AGAACGAACC TTTAATACGT ACGTGTGAC CACGAAGTGT CATGACAAAT TGATAAAACG      60
AATAGTTTTT CATTAGTTCA TTGTCACATC AATCACTTTT GTkTCACCTT TAATCACAGC      120
ATTTTCATCA TAAATATTAA TTGAAGCTGC TTGATCAGTG TTAGTAATTA TAATTGGTGA      180
AATTACAGAT TTAGCGTTAT TATTAAATA TTCAAGGTTG AATCTTACTA ATGGATCTCC      240
GACGTAACT TCGTCACCAC TAGACACTAA CACTTCAAAT CCTTCACCGT CTAATTGAAC      300
TGTGTCTAAA CCGATATGAA CTAATAATTC TAATCCGTTA TCTGCTTTTA ACCCAATCGC      360
ATGCTTAGTT GGAAAGACAT TGTCAACACG TCCTGCAATT GGAGACACAA CTTCTCCTTC      420
AGTTGGATTA ATACCAAAAC CTTGCCCCAT CATTTTTTGT GCGAATACAG GATCTGGAAT      480
ATCTTCAATT TTCACGAATT CTCCAGTTAA TGGTGCATAA ATTGCGATAT CTTTCTGAAC      540
TTCTTTGCCT TTCCGAATA ATTTTTTAAA CATACTTTCC ACTCCTACTT ATCAAAATGT      600
GATATTAAAT CGCCATAACC CAATTCTTCT AACTTTTCAT ATGGAATAAA TTGAATTGCA      660
GCGGAATTGA TACAGTATCT TAAGCCGCCA CTTTCTTTAG GTCCATCATT AAAGACATGT      720
CCTAAATGAC TATTTGATTC TTCTGAACGC ACTTCAGTTC TCAACATACC AAATGATTTG      780
TCGACTAATT CTATAA                                     796

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3393 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

```

ATCCAGCAAA TCTTTCTTAT CACGTTCTGT AATTTTCTTA GTATCCATCT TGATTAGCTT      60
TGATAACTTT TCAGCCGTAT CCAACATTTC CGATTGTGTT GTTTTTCGAC CCCTAGTATA      120
TGTAATAGCC ATTTTAGAAG CATTATCAAC TAAAACTTTC CCATTCTGT CTAAAATACG      180

```

EP 0 786 519 A2

	ATGTGAGCCT TGTGCGATTT GTAAATAACC TAAACGTAGT ACTAGTACTG CAAAAATAAA	300
	TACAATCACA CCAAATATAA AGTTAATTCT CTTGTTAATT GTATTTTGAA CGATTTTCATC	360
5	ATTGATTIT TCTTTTAGTC TTTTAACAA AACTACCTAC CTCTATTCAA AGTCTTTCAC	420
	TTTAAATCAT ATATGAATTT AGAAATTATT TCTATCTTTT TGACAAAAAA ATAACGGTCT	480
	CATTAAAGAG ACCGAACAAG TAATCATACT TTATTTTGTT GCATTATATA ATTCTGCAAC	540
10	TTTTTCCCAG TTAACATCAT TCCAAAATGC GCCAATGTAG TCAGGGCGTT TGTTTTGATA	600
	TTTAGGTAA TAAGCGTGT CCCATACGTC TAAACCTAAA ATAGGTGTTT TACCCTCAGT	660
	TAATGGATTA TCTTGGTTTG GTGTAGTCAC AATTTCTAAC TGGCCATTGT TTACGACTAA	720
15	CCAAGCCCAA CCTGAACCAA AGCGTGCAGC TGCTTTGTCA GCAAATTCTT TTTTAAATTC	780
	TTCTAAAGAA CCCCATGTGTT CTTAATTTT TTCTACTACA GTACCTTTTT CTCTGAGTT	840
	TGGTGAAAGT AACTCCCAGA ATAATGAATG GTTTAAATGT CCACCGCCAT TATTACGTAC	900
20	AGCAGTTTGG ATGTTAGCTG GTACACTGTC TAAATTAGCA ACAATTTCTT CAATAGATT	960
	AGATTCTAAA TCTGTACCTT CTACTGCAGC ATTTAATTTT GTAACATACG TGTATGATG	1020
25	TCTGTCATGG TGAATTTCCA TAGTTTCTTT GTCAAAATGT GGTCTAATG CATCAAATGC	1080
	GTATGGTAAT TTTGGTAATT CAAAAGCCAT AAATAATCAT CCTCCTAAAA TGTCTGTAAG	1140
	TAAATAATAA CAAGCAGTGA CTGGTTCAAC AAAGAATTTG CTTAAATTCT ACTACTTATT	1200
30	ATTTTCTCTA CTCATTTAAT ATAACTCAAA TCAAAAATAA TTAAACATTT TGTATATAAA	1260
	AAGTTAACAG ATTTGCCATA AAATCATACG AACGGAGTAT GAAATGAACC TTTATCTTCT	1320
	ATAATTTAAA AAATGAGATT TATGCATACA TCGGACCAAA TGTGCATAAA TCTCATTTCT	1380
35	TTATATTAAT CTTGGCAAGA CTCACATACA CCATAAACTT CAAGTTTGTG TTTGTGAATA	1440
	TTAACACCAG GTAGTGATAA TTTTATCTGA TCTATTGGAC AATAATCTAT TACCTTTGTA	1500
	TCTCCACACT TTTCACAGAT AAAATGATGA TGATGATGGT TTGTACAAGC GATTCTAAAC	1560
40	TTCATTTTAC CATCAAGTTC TGTATTTTCA ATAATTCCTA AATCTTTAAA TAAGTGCAGG	1620
	TTTCTATATA TTGTGTCGAA TGAAATTCCA GGATAATTTT CATCCATAAC TTGTTGTATA	1680
	TACTTTGCGT TTATATACTT ATCTTCTTCG ACAAAAATAT CTAACATATC TTTACGTTTA	1740
45	TCTGTATATT TTAAACCGTT CTCTTTTAAA ATTTTAATAG CATCATTTGT ATTCATTGAT	1800
	ATTAGCTCCC TTTTAAACT TCATTTCGAT TTTCTGATAA GCCATTGTAA TCATAAGTAA	1860
50	AATAACAAGT AGAACTACAA TTACACCACC CGGAGAAATG TCCATATAGA AAGCTAGGAC	1920
	TAAGCCTAAT ATTACTGATA ATTCACCTAA AAATACACTT AGTAATATCA ATTGCTTAAA	1980

55

TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA 2100
 TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA 2160
 5 TAATTCTTTA TAAACAATG TAATAAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT 2220
 TGTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTTCTTG 2280
 ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACTCAAG GCGATACCAG CACTCATTAT 2340
 10 AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG 2400
 CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTGG 2460
 CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCGAAAGA TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC 2520
 15 ATCAGCTwTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA 2580
 ACCTAtCAAG ATAcCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAAATTCA ATAATGCATC 2640
 TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT 2700
 20 TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCa 2760
 ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAATG CTTATTTAAA 2820
 CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG 2880
 25 GTGATACCTT CTTGTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACCTAC ATGTTTTGCA 2940
 TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA 3000
 30 GCAATCATTa CAGTGTGTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA 3060
 TCACTTATAT TCAGTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT 3120
 GTTTGGAAAA GACGTTTTGT CTTTGTTAAT CCGCTTAAAA CAACTTCTTT AACACTTGCT 3180
 35 GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT 3240
 TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAATAACC 3300
 CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AwTGctAAAA 3360
 40 ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT 3393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 1123 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:

55

CCCTGTTTCT TAGCCTTTTC GTATATGCGT TCATAAGAAG AATTCTTTT GATTTCAGAT 120
 TGTAAGCAC TGTTTTCACT TGATTGTTA TCTATTTTAT AATCTAAATC TGCAATCTTT 180
 5 CCTCGCGTAT CATACGCATC CATTTTAAAA GATAGCATAT AAATACTTAA CATAGCAATT 240
 ACAGTAATCA AAGTTATGTA TAAAACTTTT TCAAATTTAG TTAATTGTAC AACCACCTTTT 300
 CTCGAAACAG TCTTCTTTTC GGGCTTAGTT TGTGGTTGTT GCTTCGGTAT ACTATTATAA 360
 10 ACTTGTTTCGT CATATGGTTG GTACACTTTT TCTACAGCCA TTATAAATTG CTCCTTATTT 420
 AAGTATTICA GCTACACGTA ATTCGCGCT TCGTGCTCTG TTATTGTCAT CTAAATCTTC 480
 TTCTGTAGCG GTAATCGGTT TACGATTAAAC ACGCTTTAAC TTAGGTGTAT ATGCTTCTGG 540
 15 TATAACTGGT AATCCTCTTG GTACCTCTGG ACCTTTTCA TATTCTTGA ACACCTGTTT 600
 ACATAAACGA TCTTCTAAAG AATGGAAAGT GATTACCGAA ATCCTGCCAT CTACTTTCAC 660
 TAATTCAATC GCTTGTTCTA TTGAATCTTC AAAAGCTGAC AATTCATCGT TTAGTGAAT 720
 20 TCGTAGTGCT TGAAATACTC GTTTTGCAGG ATGTCCGCCT TTTCTTCTTG CTTTTCAGG 780
 AATACCTTCT TTTATAATGT CAACTAATTC TAATGTTGTT GTTATTGGTT GTTGTTCGCG 840
 ATGTGCTTCG ATCTTCGAG CTATCTGTTT TGAAAATTTT TCCTCGCCAT AGCGATAAAA 900
 25 AATCTTCACT AACGCTTCAT ATGACCAATT GTTAACAATT TCATATGCTG TTAGTTCTTG 960
 TGTTTGTCC ATACGCATGT CTAATGTTGC GTCATGGTGA TAACTGAATC CTCGTTCTGG 1020
 30 AATGTCGAGT TGTGGGCTTG AAACACCCAA GTCGTAATAA ATTCCATCTA CTTTTTCAAT 1080
 GTTTAAGTCT TTTAATATTT GAGTTAATTC ACGGAAGTTG CTA 1123

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 838 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

TATATCTCC AaACCATAAA AATGGAATTA TAGTGAAGAC CGCTATGATC CAGGATGACC 60
 45 ACGTATTATA GAATCTTTCg ATAGAGAAAC GAATCaACGT ATCCgACATC aCGAAATGAA 120
 ATTAGAAGAT TATAAAGATG AGTTAAGAAG AGAATATCTA AAACAATCTG ACAGAATTGA 180
 50 AGGAGATGAA TAAGCGTGGG ACTTGATTTT AGTGGTTTAC CAGATTTAGC AGTATTGGAA 240
 CAAATGAAGG AAAAGAACA GATTAGTGAG GTTATTGCGC CTGAACATGT TCGTATGCAT 300

55

CATTTCAAAA AATTTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT 420
 GCCACAGACG AATTAAAAGA TATTAGTAAT GATTTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA 480
 5 TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT 540
 AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT 600
 CGGACTAATG AATTCATAA TGGAAGTTAA GCAACCAATC TTTGTTTAAAC TTCTTTTITA 660
 10 TTTTTTGGAA AATAAAGTTT TGAACATAAT AAAATTTGAT TATGTTTTAA CGAATTTTGA 720
 TGTTTCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTFACAAT TGGTAAATAT GACTTCAAAC 780
 15 TGKATGAAGG TGATGGCGAT TAAAAGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAnTTT 838

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1150 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

nGTGTTCAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG 60
 TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT 120
 30 TAACTTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAAT TATTAAAAAT ATAACTATCG 180
 CTTGTACAAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC 240
 35 CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTTGCAT GATTGCATAT TTAAATCTG 300
 GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCG ATTACAAATA 360
 TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTTGA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTTATTAT 420
 40 CTAACATAAT TAACTGACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA 480
 TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATTCCAC CAATATTTAA TATCAGGAGG ATAATTAATT 540
 GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC 600
 45 CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTTACTTC TACACCTGGT TTATGaACAT 660
 ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCGAC GATATAGTAC AATACAATAC 720
 50 CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTTAAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA 780
 CATTATTTTA GTTTAATATT AATTTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTGCTGTGA 840
 ATTGATTTCa AGTCATCTTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT 900

55

AAACCATTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020
 ACTGCTTGTC TTTCAAACT ATTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAC ACCTACATCG 1080
 5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTAAaCA 1140
 GGtATTGCAA 1150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 797 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60
 AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120
 TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180
 25 ATGATGGCAT TGAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240
 AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGAA ATTTGACCAT AGAAAGCAAC 300
 AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTTGAAGAA CAAAATTAG 360
 30 CATTTGCCAA ACAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420
 TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTTATGAT GAAACGATTA 480
 AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540
 35 AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATACTTTy ATCAACTAAT AAATTATGAT 600
 ATAGTAACT GATGGTTAGA TATTTyTyAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660
 40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720
 ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTC GATATAACCG nGCGGAAAAA 780
 TAATAACnTT TTGGATn 797

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1466 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCATTTTCG	60
	ATGATTTTCGk CACAAATCGA TCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TCGTATTTTC	120
5	ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT	180
	AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT	240
	CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTTACTTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG	300
10	CTTAATAAATT GtTTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG	360
	CATCCACATG ATTTTATPCC ATTTTTTTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA	420
	CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT	480
15	TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT	540
	GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA	600
20	GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTTTCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG	660
	TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT	720
	CAATCATTAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT	780
25	CCTAGAGAAA TGGTTGCAAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTTG	840
	ATTAATGAGC TTAATTAAAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTTATATCA	900
	TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT	960
30	AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTT TATCGATGTT	1020
	GCTAACAAAG AAGCATTTAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA	1080
35	GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGaATATTGG	1140
	TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACGTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTTAACAGCG	1200
	TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGGTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT	1260
40	AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT	1320
	AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTTAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT	1380
	GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT	1440
45	AAAGATATGA TTCATTTCTC AATGAC	1466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2304 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT ACAAAGTTGC ATTAATATAG AATCATTTAT GCTTTTAAAT ATCACAAAAC	60
5	AAATTGATTA AACTAGCTAA AATAGTCAAA ATTGGAATCA AGATTACATA AATATCATAA	120
	CCTCTAGATA TTAGTATACA TAATATAATT AGCGACCCTA TTATAATTGC TAAATTATAA	180
	GCCAAACTAA TTTTATATTT CATTTCAATT CCCACCTTAA TAGCATTTAT TAAAAATTCTA	240
10	TAATGTTTAC ATAGACTTCT TAACAAACTT TAACCCAGCT AAGCTAAGTA TTGAAATAAT	300
	TACACCTCCT AATATAAATA TATTACTTAA GCTTAGTAAA GGTATAATTA TACTTATCAG	360
15	TCCTAAAGAC AATGTATCCG CTGcATAATT CGaTgTAGAT GAGATACTAA ATACTTTCCC	420
	CATCAAATGA TTTGGCGTTT TTATTTGAAT GGCAACTGAT CTTGTTAGTC CCTCTATAGA	480
	TTGTCCAAGT CCCAATAATG TTGCACCTAT ATATAATATC GCCACACTTG GAAACACATT	540
20	AATAATCGAT AAGCCAATTC CCCAACTAA AACACCAATA CTAAATTTAA AGATTAAATCG	600
	CTTTTCTGAC AGCAAACCCA TAATCAATGA CATTAATAAA GATGCTATAC CTAAACATGA	660
	TGTAGCTAGT CCATATACAC CAACGCCCTC TTTTAATATA TTGGAAATAA ACAATGGTAA	720
25	TACAACACGC CAAAGGCCAG TATTAATCAA TATGCAGGCA AATTGGATGA TTATAATAAA	780
	TGGAATTTCT TTAGATTGTT TCAAGAATTC CCAAGTTTCA GAAAAATCTT CTTTGTAGTG	840
30	TCTATCAATC ATGTTGTAT TTGTATATTT TAAAAGTGCA TTAAAAATAA ATCCTAAAAA	900
	TAGCAATATA CTACAAATAA AAAAGACGCC AACATTACCA ACTAGTATTA CAATGACACC	960
	AATTAAAGCA GGTAAAATAA TATTTGAGCC TCTTTGCAAA CTATCGATTA ACGCATTACT	1020
35	TGTTGCTAAA TGCTCCTCAT CAATAATTTT AGGAAGAATT GCCCTAAACG CAGGATCCGT	1080
	ATAGCAGTTA ATAATGGTGA TAGCTGTAGA TATGGTTAGA AGCGTCAGAT AATTTAAATT	1140
	TGATGTTATT GCAAGTAAAG GAATAATTAT TATAATCAAA CTTAGTATAA GATCAGATAG	1200
40	ATAAAGTATT TTCTTTTTAT TATGTTTATC AGAATATGCG CCACCGAAAA TACCAAATAT	1260
	AATAAATGGA AGTGTTTGAC TCATAACCAT CATTGATAAT TTTAAAGATG ATTGGTTTGT	1320
	CAATTCAACA GTAAACCAAA TTATTTGTAA CGAAAACAGC ACAAACAAC TCCGACGTAA	1380
45	GAATTACCA ATCAATAAAT ATGTAAAGTT TCTATTTTTC AAAACTTCTA AATACAACAT	1440
	ATTTATCACC TCTCATAAAA ATAATTGAAT GCATCCACCA GCTTTTTTAG ACCTTCTTCT	1500
50	AAACTCTCTT TATCCAAAGC GCAATTAATT CTAATATAAT TTAGTCAGTT AAATATCAAT	1560
	TATTTGAAA TATACATACT ACTTGAAACA CCATACATAA CCCCCAAAAT GACTACTCAG	1620
	AGGTTATATT CTAATAATTA TGATTATATT AAATATGAAA ATATTATCAA AAAAATCAAA	1680
55		

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTTT ACAAATAAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800
 TATTATTTAA ATTATGAATT ATTTTAATTC TTTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAAATCCA 1860
 5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTGGC TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920
 GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCTTGATTA GCTACTGATT CTTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980
 TTAACTTTAT CATTTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TTGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040
 10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100
 TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTCCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160
 TCTACTGGTT GTTCTGTGAT CTCTTCTGTT GGTTGACCCT CGCCAACTTT TTCACCTGTT 2220
 15 AATGGGkTCA CTGTGAWTGG TGkTGTGAWT GTCyTACTTC CTGGkTGTC TTCTTGTTC 2280
 ACTCGCTCTT CACCAGGTTG TAAT 2304

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:

GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAAA 60
 GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120
 35 GATTTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180
 AATGAGGAGT TTAATCTTTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240
 GGTATTATTA TTTATTTAAA TTTTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTaaG TGAAGGCAAT 300
 40 ACTTTTTTTT CTGCAAAACC ATATTTGCAT TGTGTGTTCA ATAAAGATAT TTTAAATATG 360
 GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420
 CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTTAAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480
 45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAATTG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540
 GGTGTACGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTCTGAcGT AAAAAACAA 600
 50 ATTCyTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660
 TATACAAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTGTG GGGAATATGG 720
 AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780

55

EP 0 786 519 A2

TTAGCTTGCG GAGACCGTAC GATAGTGTTT TAATAATAGA TATTCAAGGG AAAGAGCTAT 900
 CGGATGATAA CCAGATGATA ACTCAAGAAC CATGrTTTAA GAGTGTTATC AAAATAAGGA 960
 5 GTGACTTAAT TGAAAGATTC TATATTTTGG AAGAAAGCTT TTATTyCTGT TTATTTTATT 1020
 GTTGsGATGC TGGTGTTTCT ACTTTTTAGG TTTTATATTA AaACAGATAA CTTTTCTATA 1080
 TATTTAATGA GTATCTTCTT AATTTGTTTA GGAAC TGCTT CTATCATTTA TAACTATAAA 1140
 10 ACCAATCGAT AAATATAAGT ATGAAATGTA TAAGTCACAG TTAGATCTAA GTCTTGCTGT 1200
 GGCTTTTTTAT ATCTCCATAA AACGACAAAT TCAAGCCCGA CATAAAACAG CATTTTCAGC 1260
 CCACCATAAA ACGACAATTT CAGCCCGCCA TTGACTAAAC ACCACATCCC AAAAATATCG 1320
 15 TAACAATCCT CTACATCAAT CAATCCAACA TCCCTCATAA TCACAACGCA CAAAATCTAT 1380
 TCATGCATTT TTGGAATACT TAGTATTACA AATAACGATT TTTATTCATC TAACAAAGGT 1440
 20 TATATAATGT ACTGAAGGCA ATTTTATGT ATTACAAATC TAATCGTACA TGTAATAATT 1500
 TGATAAACAT CATTAAATTT GCGTAACTAT CATTAGATTA CAAATCACAA AGTAATTACA 1560
 TGTAATACAC ATCTATACAT CACATTTGAA GGGAAATGaA TATAAATGAC TGATAAAAAG 1620
 25 TACACTGCAG CCGATATGGT TATTGATACT TTGAAAAATA ATGGGGTAGA ATATGTTTTT 1680
 GGTATCCCG GTGCAAAGAT TGACTATCTA TTTAATGCTT TAATTGATGA TGGTCCTGAA 1740
 CTTATTGTCA CTCGTCATGA ACAAACGCC GCAATGATGG CGCAAGGTAT TGGAAGATTA 1800
 30 ACAGGCAAAC CGGGTGTAGT ACTTGTTACA AGTGGTCCTG GTGTAAGTAA TTAACTACT 1860
 GGATTATTAA CCGCAACATC TGAAGGGGAT CCTGTATTAG CGTTAGGTGG CCAAGTGAAa 1920
 CGnAnATGAT TTATTACGAT TAACGCATCA AAGTATTGAT AATGCTGCGC TATTAAAATA 1980
 35 TTCATCAAAA TATAGTGAAG AAGTACAAGA TCCTGAATCA TTATCAGAAG TTATGACAAA 2040
 TGCAATTCGA ATTGCTACTT CAGGAAAAAA TGGCGCAAGT TTTATTAGTA TTCCGCAAGA 2100
 40 CGTTATTTCT TCACCAGTTG AATCTAAAGC TATATCACTT TGCCAAAAAA CAAATTTAGG 2160
 AGTACCGAGT GAACAAGATA TTAATGATGT CATTGAAGCG ATTAATAATG CATCATTTCC 2220
 TGTTTTATTA GCTGGTATGA GAAGTTCAAG TGCAGAAGAA ACAAATGCCA TTCGCAAATT 2280
 45 AGTTGAGCGC ACGAATTTAC CAGTTGTAGA AACATTCCAA GGTGCAGGTG TAATTAGTCG 2340
 TGAATTAGAA AATCATTTCT TCGGTCGTGT GGGCTTATTC CGCAATCAAG TTGGTGATGA 2400
 50 ATTATTACGT AAAAGTGATT TAGTTGTTAC AATCGGTTAT GATCCAATTG AATACGAAGC 2460
 TAGTAACTGG AATAAAGAAT TAGAAACACA AATTATCAAT ATTGACGAGT TCAAGCTGAA 2520
 ATTACTAATT ATATGCAACC GAAAAAGAG TTGATTGGTA ATATTGCTAA AACGATTGAA 2580

55

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
5	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTGG ATGGCACGTA ATTTCAGAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
10	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAAAATA TAACATGGTT GAATCCAAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
15	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAA ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAACTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAAGATA AATGTTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAATCTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAATAAA	3540
	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
30	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTTC AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACAG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAAGTGA ACGTATGTCA AAGGTTCACT CGTTGGTTTC	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGCGAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTCTACTAAA	3960
	GCAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
45	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAATAAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTT CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATTT	4380

55

TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTAC 4560
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGAAGATAA AGTAAGTTCG 4620
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTACTGAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680
 10 AGTCATTTCT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGACTION GTA 4733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1284 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120
 25 GCCATTATTA GnTTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180
 TTGCGAATCT AACAAACAGT TGTGTATCAT CGTATTTTTT CCAAACAGCA AATTAACTT 240
 30 TTTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAATAAAA AAATTGTTGA TTGGTTGGAG 300
 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTTCATCTTA TTGCCATTT 360
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAATATA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420
 35 TGCCTGTAA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCT AGTGGTAAAT 480
 TGTTCGGTT CATTATTTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTkC 540
 GTACCACCTA TATAAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTGT CTTTAATAGT CATATCTGAT 600
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660
 TGCTTACATA CTTTGCATAA CTCTTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCTGGG AATACCATAT GGTCTTTTTT AAAATCACTT 780
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCTTC CTTAGAGGGT 840
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900
 50 CCAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACTGA 960
 TTGGTTTGTG TTCCACCTaC TAAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGTACA 1080

TCGAATGAAA TCACTACATT TCCCCCTAAA ACTAATATCA ACATTTTAAAT AAGATAAACC 1200
 AATTTCAAAA CTAGTTCGAT ATTTAAAATG TATTATGGAT GGnTAAAGTT TGTATCGCAT 1260
 5 TATCGCGAAG TTGnATAAAT ATAT 1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1072 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 435:

ACAGCTTTTG GTAArGGAGA AAwTCAaTat GAAACAGTAT AArGCGTATT TaATCGATTT 60
 20 AGATGGCACA ATGTATATGG GAACAGATGA GATTGATGGA GCAAnACAAT TCATCGATTA 120
 TTTAAATGTA AAAGGCATTC CTCATTTATA CGTAACTAAT AATTCAACAA AAACACCTGA 180
 GCAAGTAACT GAAAAATTAC GTGAAATGCA CATTGATGCT AAACCAGAAG AGGTTGTAAC 240
 25 GTCAGCGTTA GCCACTGCTG ATTATATTTT AGAACAATCA CCAGGAGCAT CAGTATATAT 300
 GTTAGGTGGG AGTGGTTTAA ATACTGCGTT AACCGAAGCG GGACTTGTC TAAAAATGA 360
 CGAGCATGTT GATTATGTAG TTATTGGACT TGACGAACAA GTTACATATG AAAAGCTTGC 420
 30 GATTGCAACG TTAGGTGTAA GAAATGGtGC AACATTTATT TCTACAAATC CTGATGTATC 480
 AATTCCTAAA GAGCGTGGTT TATTACCTGG TAATGGTGCT ATTACAAGTG TTGTAAGTGT 540
 35 ATCGACAGGT GTATCGCCAC AATTTATTGG TAAACCAGAA CCGATTATTA TGGTTAAAGC 600
 ATTAGAAATT TTAGGATTAG ATAAATCCGA AGTTGCTATG GTAGGCGATT TGTACGATAC 660
 CGATATTATG TCTGGTATTA ACGTAGGTAT GGATACGATT CATGTACAAA CAGGTGTATC 720
 40 TACGTTAGAA GATGTGCAAA ATAAAAATGT GCCACCAACG TATTCTTTTA AAGATTTAAA 780
 TGAAGCAATA GCTGAATTAG AAAAATAGAT ATAGTCATTT TATAAAGTAG GTGAATTGAT 840
 TTGGTAAAAA TAGTTGTTTC GAGGAAAATT CCAGATAAAT TTTATCAACA ATTAAGTAAA 900
 45 CTTGGTGACG TTGTTATGTG GCAAAAATCA TTAGTGCCTA TGCCTAAAGA TCAATTTGTG 960
 ACaGCcTTcG TGACGCAGAT GCTTGTTTTA TTACATTAAG TGAACAGATC GATGCAGAAA 1020
 50 TTTTAGCGCA ATCACCAAAT TAAAAgTAA TTGCGAATAT GGCTGTAGGA TA 1072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3271 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAACTTA CTTAACACC ATTCCTTTTT AACTTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATTTG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATACTTGA ACACTTTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGtA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGCGT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAAC TCTTTAGCTG TTAAATTTGT AAACCTTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTGTCT CTCTTAATT AATTTCAATT CCGTATTGc AGTTTTTCTA TTTCCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTTAAAACT	720
30	AAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TTGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATTGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTCGCCTAA TTTTTTTAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGTT GGATAGATTG TAAATATTTA ATGATTTCTT	960
	CACGCGTGTT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
40	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTTCCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTC TCACTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGACTAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTTGTTTAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560

GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC 1680
 ATATCTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA 1740
 5 GGCCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT 1800
 TCATGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATTG ATTGCTTGTG TATCACTAGC ATTTTCAAAA 1860
 GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCTGGTC CAATACCAGG ATAATCAAGT 1920
 10 CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT 1980
 TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA 2040
 15 TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA 2100
 TAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT 2160
 CGACCTTCTT TCTTCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAAATCT 2220
 20 CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA 2280
 TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAAGTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA 2340
 CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGCACCA AGTAATTCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT 2400
 25 TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAA TAATGCAGCA 2460
 ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCAGTTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG 2520
 CCCATTCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GCGCCTGTA 2580
 30 TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT 2640
 GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCTT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT 2700
 CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCCTCT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT 2760
 35 GGCATTAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTCAC CAAAGAAACC TAATTCATCT 2820
 GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC 2880
 40 TGTCATTTTT TCTATATCTT TTCGCCCAT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC 2940
 TTGATGTGAT AATTTAAGTT GATTAACTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCCTCCTGC 3000
 TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT 3060
 45 ACCACCATAC GACACTGAGG GTGTGTGAT AATAAATAAA TCTACGAACC CTTTATATTT 3120
 ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTCATCTnG CAGtAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA 3180
 50 ATATkTCTTT TTAATTTCTT GTAtAAAAtC AATAGATTCT GtGTAAGTGT ATTGTGkTAA 3240
 wTGaCGwATg CtTAAwACgT GTGCCAATGG T 3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

55

(A) LENGTH: 1553 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10	ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTATCA TTTTCTAATc GTTTCACAGT	60
	AAAATGAAAA GATAAAGTGT GTTTTACTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT	120
	TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTTG ATTACAAATT TTAAATTTGT TAATTGAATG	180
15	ATAATATTAA ATAAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT	240
	AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC	300
	TATAATTATG ACAATGTAA CTTTAAACG CACTTATTAA TTAACACAT AATGTTAATA	360
20	TCTAATTTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT	420
	GAGTtCACAA AAAAgAAAAAT TAGTCTTTTT GCGTCTTCT TATTAACCGT AATAACGATT	480
25	ACCTTGAAGA CGTATTTTTC TTATTATGTT GATTTTCTT TAGGTGTTAA AGGTTTAGTA	540
	CAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTTT AAGTGTGTTT	600
	CTATTCTTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG	660
30	TTCTTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT	720
	ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA	780
	TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAAA	840
35	ACAAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT	900
	TCAGTAGCAT TATTCTTCTT AAACCTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA	960
	ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA	1020
40	TACGaTGGTG TTAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC	1080
	TTAACaAAAAG TATTAAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAACmG AGCCTAACCC rGawTATTAT	1140
45	GGGGTGGcAA rGAAGAAAAA TATTATTArG ATTCAATTTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA	1200
	ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAgTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG	1260
	AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAAACATCT	1320
50	GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA	1380
	TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC	1440
	AAATCTGATG TCATGCACGG TGAATAAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA	1500

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1419 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

	ACAAATCAA TCAGCAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG	60
5	AAACAGTTGG CATTAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAACGtTgA GATTTATACC	120
	ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAAACT CAAACTTAA	180
	CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC	240
10	AAAGACTAGC ACGAGAACTT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTTGCG GcMAGTATGA	300
	TGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAAtTAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT	360
	AGAGAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTTAC ATTTAAGACC	420
20	GCTTGGTTTA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAAA GATTTAGTTA TTGATTTACA	480
	AAAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTTAAAGTGC CTAAAGGTAT	540
	TGAAGATCAT TTGTTcAGAA TTACACAGGA AGCAATTTcG AATACATTGC GTCAITCAAA	600
30	CGGTACAAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA	660
	AGATAATGGT AAAGGTTTTA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA	720
	TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTC	780
35	AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTCGTATG ACGATTAAAG	840
	TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC	900
40	AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC	960
	ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTTAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG	1020
	AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTTAC CGCAAATTAA AGTATTAATG TTAAGTAGTT	1080
45	TTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA	1140
	AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AacTTCTAGA GGAGAATCTG	1200
	TTTTTGAACC GGAAGTTTTA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT	1260
50	ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGGAAT TATTATTATT GATTGCGAAA GGTTACTCAA	1320
	ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAAC GGTTAAGACA CATGTGAGTA	1380

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 608 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

ATGInGGCGG ACGTAAAGGA CATGTTTATA CTGATGATCG AGCATTAGAT ATTGATATCG 60
 TTCGCCTGC TCAAGCAGAT GGTAAAGCTA CTAACCCCGA ACAATTATTT GCAGCAGGTT 120
 ATGCATCTTG CTTCAACGGT GCTTTCGACC TAAITTTTAAA GCAAAACAAA GTGCGTGATG 180
 CTCATCCAGA AGTAACACTA ACAGTGAGAC TAGAAGATGA TTCAGACTCA GAAAGTCCTA 240
 AATTAAGTGT TTCAATTGAT GCGACAATTA AAAATGTTAT ATCTCAAGAA GAAGCTGAAA 300
 AATATTTACA AATGGCTCAT GAATTTTGTC CATATTCAAA AGCGACTCAA GGAAATATTA 360
 ATGTCGATTT AAATGTAAAT GTTGTAGATT AGCATTAAC TAAAGAGATT ATTCAACGTT 420
 ATTAATAAAA TTCACATAAA ATTCAAATt stCrAcCAA AATTTTGGT TGGyTATTTT 480
 TTCTATTCGT GATTGAAATT TCTGGCAATA TTAACTGAA AATGATTGTA CCTTAGTCAT 540
 CATAAATGTG ACCGGTTCCA ATACTGGCTT GACTTCTTCG CATACCGTCT ACAAATAAAA 600
 GTCCAGTG 608

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 682 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

CCTTTCAAtT TCTCCCAaG TTTACGCATG TCTGACCAA TGTCAATACA ATACCTGAAT 60
 AATGATTTCT GGAGTAATTG CGAAAAATAT TAAAAGTTG CTATAGATCA ATTTTCAAAT 120
 TATAGTATCT CATCTCAAGT TTCTAACTAT CATTTACAG TATTACTGG AGATCGCCAA 180
 AAACCACTTA TGTATCTAAA TAAAAATCGC GGTGGTGATG GTGGCATACC AGGTTATATT 240
 ATGATTTATT TAGTGCCGAG TACAAGTACA ATTAATTCTA TGAAAAGCTT AATTGCACAT 300
 GAAGTAAATC ATAATATGCG CTATCAATAT ATTGATTGGG ATGGCGGAAG TTTGATTGAA 360

ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT 480
 ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGAT 540
 5 GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA 600
 TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTA CAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT 660
 ACAACACTTC CAGCACAAAA AA 682

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 2574 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTTC 60
 ACGTTCAATT AATTCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA 120
 25 AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCATT CATCACTTTG 180
 TGGCTTTGGA TTCACTTCTG AAGATTTGCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTTAC 240
 CTGTAATTTA GGCATTTGAT TTTCTGTGTC CATTAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG 300
 30 CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCTT TGTAATTGAA TTTAAAATAA CATGCTTCAT 360
 GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT 420
 GGTAACAATG TCTTGACTAA TAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTCAAAGTC 480
 35 AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT 540
 ATCGATATCT ATTTTTGTAG ACGGCACTTT AAAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG 600
 40 TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG 660
 ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG 720
 TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTTCATC ATGTTTGACA 780
 45 AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATTT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA 840
 TTAATTTTAA GTTCATTCAAT AAAAATATAA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT 900
 TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT 960
 50 GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT 1020
 TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCaT TTAAGCnATC 1080

AAATTCTTTA TAGACTGATG CAAATCTAAC ATATGAAACT TGATCAACAT GCATTAACAA 1200
 GTTCATAACG TGTTACCTA TATCTCGTGA AGACACTTCC GTATGACCTT CATCTCGTAA 1260
 5 TTGCCATTCA ACCTTGTTAG TTATGTCTTC AAGTTGTTGA TATCTAACTG GTCGTTTCTC 1320
 ACAAGAACGC ACAAGTCCAT TAAGTATCTT TTCTCTTGAA AACTGCTCTC TTGTGCCATC 1380
 TTTTTCACA ACTATAAGCT GACTAACTTC GATATGTTCA AATGTAGTGA AACGTGTTCC 1440
 10 ACAATTTTCA CATCTCTTC GTCTTCGAAT GGCATTTAAT TCATCGGCAT GCCTTGAATC 1500
 TACAACTTTA GATTGTGTAG AATTACATTT CGGGCATTTC ATTACATCAC CCTCTTTATT 1560
 TTGATTATGC CTAATTATAC TATAAATCTA GAGATGAAAA AAGAATCCCT CAATTTAATT 1620
 15 CATTTAACCA AATAATGAAA CAATAAAAAA CATTATATCG TTACTTATTA AGTAATTTGC 1680
 ATGACAATAT TATTGTATTA AAAATAAAAA ACCTAACTCC GAAGTCAGAG TTAGGCTATA 1740
 20 AATTAATTGT ATTAACCTGC ACTTACAGTT TCTTTTGATG TCAAAAGTGC TCCAATTTGC 1800
 TCAGCAACAT CTACAACTCT ATTTGAATAA CCCCATTCAT TATCATACCA AGCAATAACT 1860
 TTTACTTTAT TCCCTGACAT GACCATTGTT GATTTTGCAT CAATAATAGC TGAATTTGGA 1920
 25 TTAGTATTAA AATCAACAGA CACTAGTGGT TGATGTTGGA CTTCTATGAT ACCTTCTAAA 1980
 CCTGCATTTT CAAAAGCTTG GTTTACTTCT TCTGCAGTTA CTTCTTTTTC TAAATCAACA 2040
 ACTAAATCAA CGAGCGATAC ATTCTTTGTT GGTACACGTA ATGCCATGCC GTGTAATTTA 2100
 30 CCTTCTAATT CTGGTAATAC TTCTTTTAAA GCTTTGCGCG CACCAGTAGA AGTAGGAATA 2160
 ATGCTTTCAT TACATGAACG TGCACGTCTT AAATCTTTAT GTGGATTATC AATATTTTTT 2220
 TGGTCATTTG TAATAGCGTG AACAGTAGTC ATTAACCAT TAACTATTCC AAACTGATTA 2280
 35 TTTAAACTT TTGCAACTGG ACCAATGCAA TTAGTAGTAC ATGAAGCATT ACTAAAAATG 2340
 TCAAAATGCTT CTATATCTAA TTGGTTATCA TTTACGCCTT TAACTACCAT TTGAACATGT 2400
 CCACCTTTTG nAGGACCAGT TAACAAAAsT TTTtTGGCAC CTGCTTTAAT ATGTGCGATG 2460
 40 GCTTTATCAC CATGaTTAAA TTTACcAGTT GCATCTATAG CAATATCGAT ATCTAATTCT 2520
 TTCCATGGCA AGTTTTTCAGG ATTGCGATCA GCAACCAATT TAATTTTATG ATCT 2574

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 442:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3326 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

	CAAGGTACCG GTTTAGGTTT GTTCATTTGT AAAATGATTA TCGAAGAGCA TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA AAAGCGAATT AGGGAAAGGC ACAACATTTA TTATTAACT ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT GAATATAGTT ATTTGAGAAC GCATGTTATT GATTAGAGAC TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT TTTGATTGA TGTGGGGAAT TTTGTATGTG GATTAGAACT TAGGGTTTTT	240
	GCGAATATCA ACTATTAAAT ATATTACTAA TTTATACAAA AATATAAAGT TTGATAAAGT	300
10	TATTTATTTG ATTATAAAAA TAGGGTAAAA TATAGATATA TTGTATTAAT TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT ATGAAAAAAT TCATTGGATC AGTTTtagct ACGACATTAA TTTTAGGGGG	420
15	ATGTTCCACG ATGAAAAATG AATCAAAAAA AGACACAAAA ACAGAAACAA AATCTGTACC	480
	AGAAGAAATG GAAGCTTCAA AATATGTAGG CCAAGGCTTC CAACCGCCTG CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA TTTGCGAAGA AGCATCGTAA AGAATTTGAA AAAGTAGGTG AACAAITCCTT	600
20	TAAAGATAAC TTTGGACTAA AAGTTAAAGC TACAAATGTT GTAGGTAAAG ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT GTGCATTGTG AAGATCATGG CATTGTATTT AATGCAAGTC TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC ATCCATCAAA AAGGATCAAT GCGCAGTAAT GACAATGGTg ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG GGTACAGTGC TGAGTGGCTT TGAATATCGA GCGCAAAAAG AAAAGTATGA	840
	TAACTTATAT AAATTCCTCA AAGAAAATGA AAAGAAATAT CAATATACAG GCTTTACAAA	900
30	AGAGGCAATT AACAAGACAC AAAATGTCGG ATATAAAAAAT GAATATTTTT ATATTACATA	960
	CTCTTCTAGA AGTTTAAAG AATATCGAAA GTATTATGAA CCACTGATTC GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT AAAGAAGGAA TGGAACGAGC AAGAAAAGAA GTGAATTACG CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT GCTACACTTT TTTCTACTAA GAAAACTTT ACTAAAGACA ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC GAACTAAGTG ATAAATTATA TAATTTAAAA AATAAACCAG ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA CAAATAGGGA AACCCACTAT TAATACTAAG AAAGCCTTTT ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA GAATATGGGG TGCACAGTAA AGATGAATAA AATTAATGAT AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG TAGTTACTGG GTTTATCAAA ATATTGATAT AAAAAAAGAA TTTAAAGTTA	1380
45	ATGGAAAAAG GTTTAAACAA GTAGACAGTT ATAATGATGA TAAGAATAGT AATTTGAATG	1440
	GTGCTGCTGA TATTAAAATA TATGAGTTAT TAGATGATAA AAGTAAACCA ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT TTATCAAGGA ACATCTAATG AGGCAATTAA TCCAAATAAT CCATTAAAAAT	1560
50	CATCGGGGTT TGGAGATGAT TGGCTCCAAA ATGCTAAATT AATGAATAAT GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA TTTAAAGCAA ACAGATCAAT TATCAAATCA ATATAAAATA AAGTTAGAAG	1680
55	ATGCAGATAG ATTATCAAAT AGTGATTTTT TAAAAAATA TAGAATGGAA TCAAGTAACT	1740

ATCAAGGAGC GAAACATCCG AATGAAAAAG TTGTTGCTAC TGA CTCAGCA ATGATTCCTT 1860
 ATGCTGCTTG GCAGAAATTT GCTAGACCAC GCTTTGaTAA TATGATTAGT TTTAATAGTA 1920
 5 CCAACGATTT ATTAACATGG TTACAAGATC CATTCaTCAA AGATATGCCA GGAAAACGCG 1980
 TTAACATTAA TGATGGTGTG CCCAGGTTAG ATACTTTAAT AGACAGCCAT GTAGGTTATA 2040
 AAAGGAAGTT AAATAGAAAA GATAACACAT ACGATACTGT ACCACTAATC AAAATAAAGT 2100
 10 CGGTAAAAGA TACAGAAATT AAAAATGGAA AAAAAGTAAA AAAGACTATT AACATAACAT 2160
 TAGATATGGA TGGGCGAATT CCAATAAATG TTTGGACAGG AGATTCGATT GCACGTTCTG 2220
 GAAGAGGAAC TTTAATTAAA CTTAATTTAG AAAATCTTGA TGC GTTGAGT AAAC TGATTA 2280
 15 CTGGTGAAAC AAGTGGTATG TTAGCAGAAT GCGTAATCTT TTTAAATGAA AGTTTAAACA 2340
 TCTCAGAAAA TGA AAATAAA AATTTTGCAG ATAGAAAGAA ACAATTATCA GAAGGATTTA 2400
 20 AGGATAAGAT TAAC TTATTT CAGTTAGAAG AAATGGAAAG AACTTTAATT AGTAAATAA 2460
 ACTCACTTGA AGAAGTTGCA GATGAAACAA TAGAAAGTAT TAGTGCTGTT AAACACTTAT 2520
 TACCTGATTT TGCATTGGAT GCATTAAAAG AAAGAATTAA TGAGTTGTTT AAAGGTATAA 2580
 25 AATCTTTTAT AGAAAAAGTG TATGATAGTA TAGATAATGA AATTTTAGAA ATTTTCAAAA 2640
 ATATAGATCA CGACTTCAGA GATGGAGTAT CTGAAGAAAT GATGAAACAT TTGAAAGTAG 2700
 TGAAACAGAA TATAGACCAA ATAAAAAATC AAAATGATAT TTATGGTAGG CAAATTGCAG 2760
 30 ATATTAGAAG TATTATGAAA CAACAAGATG CAACAATTTT AGATGGAAAT TTTCAAATTA 2820
 ATTGTAGCGG CGAAATATG GTACAGGGTC TAGTTATACC TTCTAATTAT TTAGGAAGAA 2880
 AAATGAAAT ATTA AAAGAC CATATCGATG ATGGTATTAA AAAAATAGCA GACTATGTTC 2940
 35 AAGGTATATA TGATGAATAT GCATCGAAAA TTGTCGATGT AATAAAATAT TTGATTAATA 3000
 CAATTCCCAA AATACGTAAG AATTTAAGAC ATGCAATTGA AATGTAAAT GTAAAAAAGA 3060
 40 AAGAATTTTT GTCCCTGATT CCTAATGTAA CTTGTAATTA TATTAAAACT AAATTAGAAG 3120
 AATTAGATAA TACTTTAGGC AAATGGGAGC CTTTTCTTAA TGATTAAAA GCAGTGTCAC 3180
 CAATTTTAGA TAACCATTTA GATGATATTG TTAAGAACAT GAAGCCTTTG ATTGTACAAA 3240
 45 TGATwTGA ACCATCACAT TATGaCGATA TGTTTAATTC aAGAAAAGCT TTAACGcCAG 3300
 TGTTCTCAAG CGTTTTATAA AGGTTG 3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5301 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTTC AATTT CAAAATCATG CTCTTTCAAA CGATCTATTA AAGTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TTATTTGTTT CTATATAATC GAGAATTTGT TGTTTTTCAC TCATTTTMTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCCTAC ACTCATTTTA ATCATCCACA ATATTTTGTT CTTTCAAAAT	300
	GAATTATTAC TTATCTATC GGTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATTGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTTAAGTATT GTTAGAAACA CAACTIACAA CAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTTGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT cAATTTAGAT CaTAcTAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAAACGGA GATGTCATTc ACAAATACGA	660
25	CATTGCTTTC AAACAACCAA ACAAAGAACA TATGGATATG cCCGGACTAC ATTCATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAAA GTTGTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTGCCAA ACTGGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
	AGCATTTCTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTT GGTACAGGAA AATAAATCTT	1020
35	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTTA TTATGCTTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTGTGTCG ATTTATTTGA GAACCACTAT AATTTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTCGA AGTGGCAAAC ATTTCCGTAT GATATTTCTA	1440
	AATTGTGCTT CTCGTGTAAA ATGCAATACA CCTATTACAC TAAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
50	TATCTTAGTA TGTTC AATCA GCTTCAACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
	AGGCGATACA ACATGaTCAG CAATTGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTAA CAACATCGTC	1620

55

EP 0 786 519 A2

	AATTTTTTTA	TTTAAACAA	TACCAACCGC	TAAATCAATA	TCATCCTCTT	TTGTAAACG	1740
	TCCCGCTCCT	AACATCATCG	AAGCGACACC	TATATCGTTA	GAGACTAATT	CAGTCACATA	1800
5	ACCTGATTTT	TTAGCTTTAT	ATTCAATTTG	ATATTGAGCT	TGTGGCAAAC	GCTCTGGATG	1860
	GTCAATAACA	GTTTCGTCGC	CACCTTGGTT	TTTAATAAAT	GTTTTGAATT	TTTCTAATGC	1920
	TGCACCTGAA	TTAATTGCCT	CAATTAGCAA	CGCTCTCGCT	TCTTCAAGCG	TTTCAGCTTT	1980
10	GTTTGCAAGT	ACAACCATTT	GAGAACCTAA	TGTTAATACA	AGTTCTGTTA	AATCTTTCGG	2040
	ACCTTGTCCT	TTCAACGTAT	CAATTGCTTC	TTGTAACTCA	AGCGCATTGC	CAATCGCACG	2100
15	TCCAAGTGGC	TGATTCATAT	CAGAAATAAT	CGCCATCGTA	TTACGTCCCA	CATTATTACC	2160
	AATACGTACC	ATTGCGTGCG	CTAATGCTTC	AGCATCTTCT	AATGTTTTCA	TAAATGCACC	2220
	GCTACCAGTT	TTTACATCTA	ATACAATTGC	ATCTGCACCA	GCAGCAATCT	TTTTACTCAT	2280
20	AATTGAAGAG	GCAATTAATG	GTATTGAATT	GACAGTACCA	GTAACATCCC	TTAAGGCATA	2340
	TAATTTTTTG	TCTGCAGGAG	TTAAATTTCC	TGATTGTCCT	ACAACTGCCA	CTTTATTTTC	2400
	ATTAACCAAT	TTCAACAAATG	TTGCTTCATC	TATTTCAACA	TGAAAACCAT	CAATTGCTTC	2460
25	TAATTTATCA	ATCGTACCAC	CTGTATGACC	TAATCCACGC	CCACTCATTT	TTGCAACAGG	2520
	AACATCTACA	GCTGCTACTA	ATGGTGCTAA	AACCAATGTA	GTTGTATCTC	CTACACCACC	2580
30	TGTTGAGTGC	TTATCTACTT	TGACACCTTT	AATATCACTC	AAATCTATCA	TATCACCAGA	2640
	ATTAACCATA	GCCATCGTTA	ATGCTGCACG	CTCATCATCA	TTCATATCTT	GGAAATAAAT	2700
	CGCCATTGCT	AAACTTGATG	CTTGGTAATC	AGGAATATCC	CCTTTAACAT	AGCCGCCAAT	2760
35	AAAGAAATTA	ATTTCTTCCG	TTGTTAGTGT	ATGACCGTCA	CGCTTTTTCT	CAATAATGTC	2820
	TATCATTCTC	ATTTTTATCA	TCCTTTTCTT	AAAAAGCTTA	GGACAAAGCA	TCTGCGCTTT	2880
	CTCTAGTCCA	TTTTTAAAAG	CACAAGCGAA	AATTATTATA	GCAAGCTATC	GATTTTCATTT	2940
40	TTAATATCAC	AATTTCAATG	CGATGTTATT	ATTCTTAAAT	AGATTGGTTA	TAACGTTAAA	3000
	GTCCCTATTA	AATTATCTTA	GAATCATCAT	GGCATTTATG	ATGTCTTAAA	GCTGATATCG	3060
	ACATACTTAT	ATATGGTTAC	GATGTCCCAT	GCTTACATAT	TTTTATAAAA	TTAGTAATCT	3120
45	GAATCTGCTT	CTAAACCTTG	CATAATTTGa	ACGCCTGCGC	TCGCACCAAT	ACGTGTCGCA	3180
	CCTGCTTCAA	CCATTTTATT	GAAATCTTCT	AAATTACGTA	CGCCACCTGA	TGCTTTTACT	3240
50	TCTATATCAG	CACCTACTGT	ATCTTTCATT	AATTTAACGT	CTTCTGCAGT	CGCACCGCCA	3300
	CCTGCAAAAC	CTGTTGAAGT	TTTAACGAAG	TCCGCACCAG	CCGCTTTTGT	TAATTCACTC	3360
	GCTTTTACAA	TTTCGTCATG	GTCCAACAAT	ACCGTCTCAA	TAATCACTTT	TACTGTGTGA	3420

55

	TTTAATGCGC	CGATGTTGAT	GACCATGTCA	ATTTTCATCTG	CACCATTTTG	AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA	ATGCTTTTCGT	CGCAGTTGTC	GATGCACCTA	ATGGGAATCC	TATTACCGTA	3600
5	CAAAC TAACA	CCTCTGAATC	AGCTAGTCGC	TCTGCTGCAT	ATTTAACATG	CGTTGGATTCT	3660
	ACACATACAG	ATTTAAAATG	GTATGCTTTC	GCTTCATCGA	TGATTTGATC	GATTTGCGTA	3720
	CGTGTGACT	CAGGCTTCAA	TAAAGTGIGA	TCAATCAATT	TTGCACTATT	CATTTTCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT	ATGGTTGATT	ATAAAAATAC	GGTTGTAAAT	TAGTTGATTG	AGCGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT	ATCAGGTTAG	ATGTTGCTTC	TTTATGTAAC	CGCATACATA	TACTATTACA	3900
	TTAATTCATT	TCCCATAAAC	AAACAATACA	ATTGAACGTG	ATATCTTCAT	TATGAACGAT	3960
15	GACTTGACAA	CAAGCTAATC	AGGATTATAT	TTTTATAATT	CTTTAATTCT	ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAAA	AAAGGGAAAC	AAATGTTATC	TTAAAATTAT	TAATGAATAT	TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG	ACAAAAGGTA	CACCACATAT	TCAACCAAAT	GGAGTAAAAA	TTGCTAAAAAC	4140
	AGTATTAATG	CCTGGCGATC	CGCTACGTGC	AAAATATATT	GCTGATAATT	TTTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA	TTTAACGATG	TACGTAACAT	GTTTGGTTAC	ACTGGTACAT	ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT	GTAATGGGTT	CTGGTATGGG	TATTCCAAGT	ATTGGTATTT	ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC	TTCTTTGATG	TAGATACAAT	CATTCGTATC	GGTTCTTG TG	GCGCATTACA	4380
	AGAAAATGTT	AACTTATACG	ATGTTATTAT	TGCACAAGCT	GCATCAACTA	ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA	TACAATATTC	CAGGTCATTT	CGCGCCTATC	GCTGACTTCG	AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA	AATGTCGCTG	ACCAAATCGG	TGCTACTACA	CACGTAGGTA	ACGTATTATC	4560
	TTCTGATACA	TTTTACAATG	CCGATCCAAC	ATTCAATGAT	GCTTGGA AAA	AAATGGGTAT	4620
35	TTTAGGTATC	GAAATGGAAT	CAGCTGGTTT	ATATTTAAAT	GCGATT CATG	CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT	ATTTTCACAG	TAAGTGATCA	TATTTTACGT	GACGAAGCTA	CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA	AATTCATTTA	CACAAATGAT	GGAAATCGCT	TTAGAAATCG	CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT	GACTTTAATT	GCTCTTTAAC	AATGCGATTA	AACTCAAAAA	GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA	TCCCCATTTA	TGTGTTGGCT	TTTATTTATA	TTATTACTTA	TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA	AGATTTAAAC	ATCCAATTAT	GTTTATCTAC	TGATGTTTGC	ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC	TGATACATCA	TCGCCAGCAT	TACCAGCAAT	TTCGATTGCG	TTTTCTAATT	5040
	GTTTTGAGAT	ATTGTGAAG	TCTTGTGATA	ATTCTTCAAC	CATTTGTTCT	GCAGAGTAAC	5100
50	CTTTCGCAGC	TTCTTTAACA	ATTGATTGCT	CTAAGCATTC	AGTTAATGTA	CCTACAGGGT	5160
	TTCTCTCTAC	CGCTAAAATT	CTTTCAGCTA	ATTCGTCTAC	ATATTGGCTT	GCTTCATTAT	5220
55							

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 11466 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

15	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
	ATTCCTAAAG GTTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CATACACCTG AATCTAAAAT CAAATTTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA ACACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTTGC GGTGATTTTA	360
25	TTTGTTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTTC AAACATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATTGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAATC ACTGTTACTT ATATTGATTT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATTCC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTCA TGACATTTAT ATATGCACTT	660
35	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTTAACCG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAACT ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACaAATAC aAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACASTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAACG TAAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
50	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
55	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTTGCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320

CCCAAGCTGC GTATGATATC GCAACTTGGG ATTTTCTGTA TTATCTACTT TGCAAGTATG 1440
 ACGTTGGGTC TACTGCATAT TGATTACCGA TGCCACCAGA CATACGTTGG AAGTGACGT 1500
 5 GAGGCGCTGT TGAATTACCC GTACTACCTG AATATGCAAT TTGGTCACCA GCTTTGACTT 1560
 TATCACCAGC TGAAACAGTT AAACGATTAT TATGCATATA CCATTGGTAG TTATTACTGT 1620
 TCGCTTCTTT AATCGTTACT TGATTGCCGC CACCATAGTT ACTCCAACCT GCTTGACTA 1680
 10 CTGTACCATC AGTTAATGAG TAACTGGTG AATTTTCAGG CATTGCATAG TCGACACCGT 1740
 AATGCGCACC ACCACCGTGA TATTGTCCAT ATGGTTGTAG TTGTTTACGA CTTGTTAACC 1800
 15 AGCTTGGCCTC TTTCGCATGA CCACTAGCTG TCGCTTTACT TGCTGATCCA CCATTTTGAT 1860
 TAGATGTGCC ATTAGGATAA TTGACCTTTC CATTACCATC ATGGCTGTTA TACGCTTGGT 1920
 TGTTGTTACT ATGTGAATAA TAGCTCGCGT CTGGACCTAC ATTTGATTGA TAACCATATT 1980
 20 GATTAATATG CTGTTGGCTT TGA CTGCTG TGTAGTCATT GTTATCTCCT GCTGTTGCTG 2040
 GATTCACATA TGTTTGGCCG CTTCCATTGG CATTTCGATT TTTTGGATAA CAGTTATAAA 2100
 AATAATGCGT ATGTCCTTGA GCATCTACGA ATGTATAGCT ATATTCTTTA TTATCAAACA 2160
 25 TTGCTTGATT CCAGTTACCA TCAGGTGTGT GATGATAATC CCCATTAGAA TCAATTGTAT 2220
 AATAAGTACC ATAAGATACG TCTTGTGATT GTGTTGACAT TTGTGTATGT GCTTGTGGG 2280
 TGTTTGTCTG TTCTGCTGCA TCTGCTTGAT GCGCCATTGT AAATGTAGCG AAaCCATCGT 2340
 30 TGCAATCGCT GCTGCTGTTA ATTTTTTCAT GTATAAAACA TCCTCCATTA AAGTTAAAGT 2400
 TAGTTTTCAA TTAACTGTA CTGCACATAC TAAAAGAATT AGACAACTGA GTAAAGGATT 2460
 35 TAATTCTCAT TTCCAACTA TTTAATATTC CCGAAATGTT TTAATAAACT CATTACATTG 2520
 TCATTACAAA ATAGCCATAC ATTGATATTA AAATGACATC TCTCACTGCA TTCGTTTAAAC 2580
 CTTTTATAAA TTTTCAAAT TAACAATAA TCGTTCGTCC ATGTTGCGGA TTCAACGCTA 2640
 40 ATGCATGATA GTAATCATCC ATCAAATCAT ATCAACCAA TTCCATTATC AATCGCTATT 2700
 GATTGTCATT CAACTTTCTA ATAGTGATAT GCTTCTCAGG CTAAAAATC GTCATATCTT 2760
 TTCTATTAAT TAAATCATCT GTGAGCTTTA ATGCTACTAA TTCATTGCTG CCATAATACT 2820
 45 TAATATATAA CGTTCTTGTA GTTAAATTTA TTACGGTCTG ATACATCGTA TAGTGATTGT 2880
 CAGCATCATG CGGACGTACA ATTCCAATCG GTATATTTAC CGCATCTAAT AAATAAAATG 2940
 50 CATTCAATTA ATCCATTTCT TTATCATTGT TTTGAGCAAT GTTTGCTTTC ATAAATGCCA 3000
 TTCTCACAAA GCGCTCAGTT GAAGTAAATC CACCTGGCAA TCCAAATGTA CCTGCTTCAT 3060
 TGCCTAAAGG TTCAATCGTT ACACCTTCCA ATAAATTTGC TGTGCTGGA TAAGGAGAAA 3120

55

EP 0 786 519 A2

	CACCAATAGG ATTATCTTTT ATAACCACTT CACCCTCTTT AAATGAAACT TCGACTGTAT	3240
	GTCCAGTTGC ATCGGAAACA TGATAATGCA ATGGCGGAAC TTCACCGATG TCATTTAAAT	3300
5	ATACAGCTAC AACATGTATT TGGGATGCTT GTTGTTCAT ATCTTCAATG CTTGTTGTAT	3360
	ATCCCAAAAT CCATGTCACA ATTTCATTTT GCGTAATATT CATCGCGTCC GCTTTGTGTG	3420
10	TTGATCCATA TGAACATAA CCTCGGAAAT ATTGTGTTGA AATGGCAACG CcATGTtCAT	3480
	TAACACCATC ACCATAAATA AAACCTTCCA TATCTGTTCC TGTGCCAATA AAGCCATATT	3540
	GCGTTTGGCC TGTCTGCGCA GTGCAAGATT TCCAACGATA ATTTCTAGGC GTCAGTCTG	3600
15	GCGAACCATC TAATGGATAA TCATAATCCA TCGTGCCTCC AAGAAGTACT TGATTATTTA	3660
	AAGTTTGTAT TGTGAATCCT GTGCACATTG TTCTCACTCC TCTGTACCTT CATTTACTTT	3720
	AATCACTTTC AAATAAAGCT GTTTCACCTA AACATACTAT AAAAAATCAA TTATACAAGC	3780
20	AATTAATTGA TATTCATTCT CAATAACTGT GGTATGATAT GTAAGGAAAT CATGACTTAT	3840
	GTGTGAGTGA ACGATCATCT ATACATCCGT TCACTTCATC TCATGACTTT CTATATTTAA	3900
	TTTTTACAAG GAGTGACATC TGTGAATAAC ACACAATCTT CACCACGCAG TAATATTATT	3960
25	ATTGCGATTA TGTTGTCTGC ATTAACATAT TGGTTGTTTG CACAATCATT TATTAATATA	4020
	GGACCTCTCG TTGGTCAAAC ATATCAAACC TCTCCTGCCG TGTTAAATTT ATCTATTAGT	4080
30	TTAACTTCCT TCGCCACAGG TATCTTCATG GTGGCTGCAG GTGATATTGC TGATAAAATA	4140
	GGACAACCTGA GAATGACATA CATGGGTCTC ATAATCAGTA TGTTTGCATC TCTTCTATTA	4200
	ATTATATCGG ACATCACTGC ACTGCTCATC ATCGGTAGAA TTTTACAAGG TCTATCAGCA	4260
35	GCTATCTTGT TACCTTCAAC AGTTGGCGTG TTAAATAATC AATTTAAAGG AGAACATTTA	4320
	AGACGAGCGA TTAGTTATCT AATGATTAGT ACTGTTGGTG GCATCGGCCT AGCTGGTGTT	4380
	ATCGGCGGTT TAATTGCCTC AAATTTCCGA TGGCAAACGA ATTTTCATCAT TAGTATAGTC	4440
40	ATTGCTTTCA TTGCCATATT GCTTCTAAAA GGCACACCTG AAAAAAGTAAG TCAACATAGC	4500
	CACCGTCATC CATTGATTA CAAAGGTATG TCGATTTTCG CTGTTATGAT TGGTAGCTTT	4560
	ACATTATTGT TAACACAAGG ATTCGAACAA GGTGTTTGA GTACATTTTC AATCATTGT	4620
45	CTGAGCAATT TTATCaTCaC TACGTTGATA TTCATCATCA TCGAACGTCG ACATGAAGTA	4680
	CCTTTTATTG ATTTCTCAGT ATTACGCAAC CGTCCGTTCA TTGGTGCATT TTAAATAAC	4740
50	TTGTTTTTAA ATAGCGGTCT AGGCGTAACA GTGGTCTTTT TCATATATGC TCAAACACAC	4800
	CTTGGTTTAt CagcTGCGCA ATCTGGACTT GTTACATTGC CATATGCCAT TGTGGCAGTT	4860
	GCGATGATTC GTTTAGGTGA AAAAGCAACA TTACGTTTCG GTGGCAAATT GATGCTCATC	4920

55

TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA 5040
 GTCGCAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA 5100
 5 GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT 5160
 ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCGTAACA 5220
 TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA 5280
 10 AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT 5340
 AAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAATAAA GATTCAATTA 5400
 15 ACGCATCAGT ATTAGGATTG ACTCTAAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT 5460
 CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTATT CTACGACCAG 5520
 AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG 5580
 20 ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTTGCT ATCAGGTATC GTTCAACAA 5640
 TTTCATTAAC ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAGTT TTTATTGGTA 5700
 GTGTAAGTTG GCGAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA 5760
 25 ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA 5820
 GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC 5880
 AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTTAGGGAT TTATGTCCCA 5940
 30 GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC 6000
 GCGTTGTTTC TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTTGAAAAT CAGTTAACAT 6060
 35 TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAAA 6120
 TAACCATCCA TCTTTTAAAC CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTACTGTTTC 6180
 TTTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGACATT AAAAACGTAT CACCAAAGTA 6240
 40 ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAACAAAC AAACGACCAT ATTCGAACTC 6300
 TTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAAAT AATAATCTCT TCTTCTTTTA ATTTGAATTG 6360
 CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTTTAA CAAGCCTTAA TTAATAATTT TTTCAATCAC 6420
 45 ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTTAATACT TTGTTCAAAA ACAAATATTT 6480
 TATTCCTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATTCTTGT 6540
 50 TATCATAATC ATTAAAAGGT ATTAACCTTA ATAATATATT CTCTCGTCTC AACCTTAATC 6600
 GTATACTTCA GACGTCTGTT TGTAACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA 6660
 AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA 6720

55

EP 0 786 519 A2

	TGGTGTATCA GTTACAACGTG TGTCACATAT TTTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTTCCGC	6840
	AACAACGATA AAAAACGTAC ATGCTGTTTC AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA	6900
5	TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC	6960
	AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA	7020
	TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA	7080
10	TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA	7140
	CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA	7200
	TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT	7260
15	AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC	7320
	GACTCGTGTC GCTGGATTTG TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT	7380
20	CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA	7440
	ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAACGA TGAACCTGCT ATTGGCATT TACGAGGACT	7500
	AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATT ATAGGTTATG ACGACATTGA	7560
25	TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG	7620
	CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT	7680
	GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTCG TGCAACAACT GGCTATCATC TTTCAAATA	7740
30	ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCCC TTAGCGTTGC TTTAATGCTG	7800
	AGGGTTTTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAT AATAATGTAT GAATTTTTAA	7860
	ATATGATTTA AACGTTTTCA GTTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT	7920
35	ACGATGGCAC TGGTAAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT	7980
	TGTTGCATTA CTTATCGGGT TAGGCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC	8040
40	TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT	8100
	CTTCGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTGCT	8160
	ATTCGCCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGGG ATTCGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT	8220
45	CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC	8280
	ATCTTTATGG GGTGTCTTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATTGG	8340
	ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGGA GTGAACGCAA	8400
50	AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCAGTGTA CTTCTGTAA TTGGTGAATT	8460
	TGGATACTGG TTATATTCAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT	8520
55		

	AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTTCAG GTTCTTCTT	8640
	TGCATTTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACT AATATGAATG GTTTAGCAAC	8700
5	TGGATTTATT CTTTCTCAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT	8760
	AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT	8820
10	AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTTATAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAAATCA	8880
	GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTTATTA	8940
	ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATTCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA	9000
15	ACTAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAAATC	9060
	CAAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAATT	9120
	AAACAATTGA TTTCATCGGA AATCGAAATC ATTTTCATTC CTCACGAAGA AATGAAAAGT	9180
20	AACTTAGCTC ACCCATTAATA TAAAGGTAAT ATTCGTAATG GTGAAaCAAC GCCCTACTCT	9240
	AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTTACTTTT TAAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC	9300
	ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTAGGTTCA ACGAATGTCG ATCAATTTTT AACAGTTGAA	9360
25	AGATATGCAC AACCAGGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAAGC ATTCGGCGGA	9420
	GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT	9480
30	ACTAAAAATG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT	9540
	ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT	9600
	GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA	9660
35	CCTGAAGATG TTATTAACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGtTGCACAA	9720
	TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG	9780
	ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAATC	9840
40	GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT	9900
	GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG	9960
45	ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA	10020
	GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATACAACT GCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCATTT	10080
	GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA	10140
50	GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATTCCTCT ACTAGAAGAA	10200
	GTAAATCAAG TTTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG	10260
	CAACATTCGT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT	10320
55		

	TTTGTAATCT TTTTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA	10440
	TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTCATACAT TTTTAGCTAA	10500
5	ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA	10560
	AGGGGCATTT TCACAAGATA AACCAAGTGT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC	10620
	TATTTATCTA GTCATACAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC	10680
10	ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTTCAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA	10740
	ACAAGCGAAT GCTGTTAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA	10800
	AGCAATGTTA ACAATGTTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG	10860
15	AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA	10920
	TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC	10980
20	GAAACTTGGC TGGTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC	11040
	TGGTCCAATG AGTTTAATGA CACCAAAAGG TTTAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC	11100
	TATAAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAAA AGAAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT	11160
25	TAAAACGATG ACTAAATTGC GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCT CTAAAAAAGA	11220
	GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT	11280
	CTTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT	11340
30	TTTGGTTAAA GACTTTTCATA AACACTCAAA CATTAACTAT ATACATAGTT AGTGGcATTA	11400
	TTTTTTyCTn AAAATTTTAA CmTCmCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAwT TcGCrmAAaT	11460
35	TAWTcT	11466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2176 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

	TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC	60
	ATTTGTATT TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA	120
50	AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA	180
	CGTTAGCTAC AATGATTTCA AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAAACTT	240

55

	AAGTATTACA TCTAAAAGGT ATCACAGAAG AACACGTAA CCAATACATC AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC AGAACGTGCA CAAGAAGTAT TCTCTGAATC ACTTAAAGAC AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG TGTTGCACAA CAAAACGCTT TTTACAATGT TCTTAAAAAT GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA AAAAAATAAT TACATTGCAC AAATTAAAGA AAACCCTGAT AGaAGCCAAC	540
	AAGTTTGGGT AGAATCAGTA CAATCTTCTA AAGCTAAAGA ACGTCAAAAT ATTGAAAATG	600
10	CGGATAAAGC AATTAAAGAT TTCCAAGATA ACAAAGCACC ACACGATAAA TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA CTCAAAATTA CnTAAAGATT TACGTGATAA AAACAACCGC TTTGTAGAAA	720
	AAGTTTCAAT TGAAAArGCA ATCGTTCGTC ATGATGAGCG TGTGAAATCA GCAAATGATG	780
15	CAATCTCAAA ATTAAATGAA AAAGATTCAA TTGAAAACAG ACGTTTAGCA CAACGTGAAG	840
	TTAACAAAGC ACCTATGGAT GTAAAAGAGC ATTTACAGAA ACAATTAGAC GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA TGCTGAAAAG AAAGTGGCGC CAAAAGTTGA GGCTCCTCAA ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA AAAACCTAAA GTAGAATCAC CAAAAGTTGA AGTCCCTCAA ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA GGTTCCCTCAA TCTAAATTAT TAGGTTACTA CCAATCATTA AAAGATTCAT	1080
25	TTAACTATGG TTACAAGTAT TTAACAGATA CTTATAAAAG CTATAAAGaA AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA CTACTATAAT ACGTACTATA AATACCAAGG TGCGATTGAT CAAACAGTAT	1200
	TAACAGTACT AGGTAGTGGT TCTAAATCTT ACATCCAACC ATTGAAAGTT GATGATAAAA	1260
30	ACGGCTACTT AGCTAAATCA TATGCACAAG TAAGAACTA TGTAAGTGAG TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT ATTATATACT TTCTACCAA ACCCAACATT AGTAAAAACA GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC TGCATCATCA ATCAAAAATA CATTAAGTAA TTTATTATCA TTCTGGAAAT	1440
	AATCAATCAA AAATATCTTC TCTAGTTTTA CATCATTTTT TAAATAATTT TCGTAACAAA	1500
	CCGTGATTAA AAAGAACCGT TGATTCTCAA TCGAATCTAC GGTTCTTTTT TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT GCTTCTTCGC TATTTGTCAG CCCACTTTTT TACCTGCAAC TTGTTAAATA	1620
	ATCCTTACAT CGTTAACGAA TAGTTCATCA TTTAGTTGAA TCAGCTCAAC TTTATTAACT	1680
	TCATATTTTC ACAAATATT GCGCAATCCA TTCCTTTTCC ACTACAAGCA CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC AATAAAATAA GACTTGCAAA GCATAGTTAT GTAGCTATAT AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA TCTTTTAAAC ATAACATAAT GCAAAAACAT CATTTAACA TGCTAAAAAT	1860
	GTCTCTTCAA TACATGTTGA TAGTAATTAA CTTTTAACGA ACAGTTAATT CGAAAACGCT	1920
50	TACAAATGGA TTATTATATA TATGAAGTTA AAATTAAATA GAAAGAAAGT GATTTCTATG	1980
	ATTAAAAaTA AAATATTAAC AGCAACTTTA GCAGTTGGTT TAATAGCCCC TTTAGCCAAT	2040

55

CmTyCAAArG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160
 GGATTTGGTA AAGGnT 2176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

AAAAGCATGG CTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC 60
 ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAAT 120
 CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT 180
 TATTAAAATA GGTAAGGGGA CGAAAATGAT GAAATTAATT AAAAACGGTA AAGTATTACA 240
 AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC 300
 ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGGTGTGTA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC 360
 ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTCAATT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC 420
 AATTGAAACT GGTACTAAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC 480
 TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA 540
 TGACAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA 600
 AGAATTGGTT GATTTCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG 660
 TGTAGGAGTA CAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA 720
 CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA 780
 AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTTGTG AATCTGTTCA 840
 AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT 900
 TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTCTG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC 960
 AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC 1020
 CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG 1080
 GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGAcCAT GCACCACATG CACGTGATGA 1140
 AAAAGCACAA CCAATGGAAA AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAGTGAAA CAGCATTCCC 1200
 ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA 1260

TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT 1380
 CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT 1440
 5 AACAAATGGTT GAAGGCGAAG TTAATTTGg GGGGGATAAa TArTATGCAA gCAAACGTTA 1500
 TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTA CTGA 1557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1799 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACTCT GTTAAaTGA TGGACGTAGA CAAATATGCG 60
 TATTGACGCT TTATTTTAAA AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAC 120
 CTATGAAC TAaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC CtGAACAGTT 180
 25 TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATTTA AAAGGTAGAA TTCTTGTTTC 240
 TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC 300
 ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTTT AAAATTGATG AAGCTGAAGG 360
 30 ACATGCTTTT AAGAAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA 420
 AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACTGG CCAATATTTA TCACCTGTAG AATTTAGAAA 480
 AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATTT 540
 35 AGGTCATTTT CGAGGTGCAA TTCGTCCAAA TATCACACGT TTAGAGATT TGCCTGACTG 600
 GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAGTG GTTACGTACT GTACTGGTGG 660
 CATTCGATGC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAAGAA GGTTCGAAG ATGTAGCTCA 720
 40 ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAGGTG AATATTGGGA 780
 CGGTAAAATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAAAnAC 840
 AATTATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA 900
 45 CCCAGAATGT AATAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAAAC GAACTAAAT ATTTAGGTGC 960
 ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG 1020
 50 TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT 1080
 TTAATTAAAT ACCTTTCAAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTTCAAGGC 1140

TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTTGCGCCTT 1260
 TTGACAATCA AAATATCAAT CCCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG 1320
 5 GCACACATAC AATCGATAAA TTAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTA 1380
 TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTACT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG 1440
 GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTGCG CCATTAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG 1500
 10 ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACCT AGACGGTGCG CCAGCTTATT 1560
 TTTCAAATTT ACCaGTTAAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTTCTGGAG 1620
 CACTTTCAAA TAGCGCAGGT ACATTTGTTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT 1680
 15 TACAAGATAA GCATTACCCT CACCTACGAT TCGGATTTAT TCaTGTGCCA TACATACCAG 1740
 AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACCCAT CTCATGhCCA TTGAGGAAAA GAThAGTTC 1799

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1341 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:

30 ACTTGTTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACTTAATA ATGTTTTTCAT AATCTTCTTC 60
 GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT ACACTAGTTA ATTTTCAAAC 120
 AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA 180
 35 TTAAAAAATT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA 240
 TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA 300
 CCACGTAGTA AGTTTTTCATT TTTCTTAGGA TCCCAGTAAA CACCCATAAA TTCTAAGCCT 360
 40 TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA 420
 ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTTGTGAAT TTTAGAAGCA 480
 AATACATCTA AAGCCATTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA 540
 CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTCC 600
 AATACTTGTT CAGCAGTTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA 660
 50 ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT 720
 CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA 780

TATGGCTTGT ACCATGGAAA CCATACTTAC GAATGCCATA ATCTTTATAA TAATGATATG 900
 GCAAGCTATA TAGATATGCT TTTTCAGGCA TTGTTTGATG GAATGCTGTA TCAAAAATTG 960
 5 CCACATGAGG GATATTTGGT AATAATTTAC GGAAAGCACG AATACCCAtC AAGTTaGCTG 1020
 GGTTGTGaAG CGGTGCTAAT TcGCTTAATT CTTCAATTTC CTTTTCAACC TCATCAGTAA 1080
 TAGCTACTGA TTCAGGGAAT TTTTCACCAC CATGTACAAC ACGGTGACCT GTTCCATCGA 1140
 10 TATCGTTAAT ATCATTAAATA ATATTGTGCG CTTTAAAAGC ATCCAACATG ATATCAACTG 1200
 CCTCAACGTG ATCCTTGATA TCTTGTA CTG TTTTAACTTT TTCCCCGTTG ACTTCAATTG 1260
 TAAAAATTGA ATCCTTCAAT CCGATTCTTT CTACTAAACC TTTTGTTACT AATTCCTCTT 1320
 15 CAGGCATTCT AATTAATTGA A 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1529 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

TTTTGAAGAT ACTACCGATG AAAATAGACA AAAGATTTTT CAATATTTAT CACCTGAAGa 60
 30 AGTTGCAAAT TTCTTTGATC AATTAGATAT TGATGACGAT GAATATGAGT TGCTATTTGA 120
 TAAGATGAAT GCGACATACG CAAGTCACAT ATTAGAAGAA ATGTCATACG ACAATGCAGT 180
 AGATATTTTA AATGAGTTGA CTAAACCAAA AGTTGCTAGT CTTTAAACAT TGATGAATAA 240
 35 AGATGACGCG AATGAAATCA AAGCATTACT TCACTATGAT GAGGATACGG CCGGCGGTAT 300
 TATGACGACG GAgTATTTAT CACTTAAAGC GCATACGCCT GTTAAAGAAG CATTATTATT 360
 GGTCAAAGCG CAaGCACCAG ACGCAGAAAC AATATATGTT ATATTTGTCG TTGATGATGA 420
 40 TGGTAAATTA GTAGGTGTTT TATCGCTAAG AGATTTAATT GTAGCTGAAA ATGATGCTTA 480
 TATTGAAGAT ATTATGAATG AACGTGTCAT TAGTGTGAAT GTAGCAGACG ACCAAGAAGA 540
 TGTTGCTCAA GTTATGAGAG ACTATGATTT CATGGCTGTA CCTGTTATAG ATTACCAAGA 600
 ACATTTGCTT GGTATCATCA CGATTGATGA TATTTTAGAC GTTATGGATG AAGAGGCTAG 660
 TGAAGACTAC TCTCGTTTAG CCGGGGTATC AGATATCGAT TCGACTAATG ATTCAATCAT 720
 50 TAAAACAGCA TTA AACGTT TACCATGGTT GATTATTTTA ACATTTT TAG GAATGATTAC 780
 TCGCACAAAT TTAGGGAGAT TCGAAAAAAC ATTAGAAAAT GTAGCGCTAC TCGCAGCGTT 840

55

TCGTAACATT ACGACAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAAA TTTAGAATTG CATTAAGAGA 960
 AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGT ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT 1020
 5 TGCATATAT CATCAGCCAC TTTTAGCATT AATCGTTGCA GCAAGTTTAA CTTGTGCGAT 1080
 GACGGTGGGG ACGTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA 1140
 TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTTATTAC AACAAATTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT 1200
 10 TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTTATGGC TTACTIONAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT 1260
 TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT 1320
 AAATATTAAT TTCTTGCCAG TTGTGTTGC AGAAATTTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAA 1380
 15 TTCATTTCTA AATATAGTAG AAAGGGATTC AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT 1440
 TATCTTTTAA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA 1500
 ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG 1529
 20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1827 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

TTCTGGAAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCTAT 60
 ATCATTTAGT ATATTTTATA TTTTCTCCTG ATTTTAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC 120
 35 GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTTTGCAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT 180
 AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAAAG ACTGCCGACT 240
 CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAAGTGT ATATTTTTTC ACTAAACTTC 300
 40 CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATCCAT CAGCTGTTTC TTCTATTTTA AATACTGCGA 360
 GCGGTGCGAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATTGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA 420
 CAAAAGTTCC TTTAGTGTA CCCATCCATG CAATAAAATG GTTTACAACG TTCTTTAATG 480
 45 TCCATCCCTT TGGTAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATAC TTGAAACTT 540
 GTAATTCTAC ATTAATAAAA GAACGTTTAA AACTAAATT TGTGTTTCT ACAGGTGTAC 600
 50 CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCAGGT ATGTAGATTAA 660
 CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA 720

EP 0 786 519 A2

	CAGCAATATC TATTTGATTC ATTGCTGCAA CAACCTGTTC GTAATGAAAT ATATCACACT	840
	GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT KTTTATTGTC TGGATATTTT GATATAGCAA	900
5	AAAGTTCAGC ATCATTTTCA ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC	960
	CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCATCTAAA ATACTCCTTT AAAGTGTAA CAAAAACAT	1020
	ATTACTCCAC CTTTGTAGTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA	1080
10	AATACTGGAG GCTTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAAA GATGTAGAAA	1140
	ATTTTCATTC AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTT TACACACCAG	1200
	GAGAAATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC	1260
15	CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACT CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA	1320
	ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT	1380
	TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTTTAA	1440
20	ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC	1500
	TTTTTAAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTTTAA AGATAAGTTA TTTATCGATG	1560
25	GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATTCCTAA TTAAAGCTAT TTTATCATAA	1620
	TCTTGTATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT	1680
	ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT	1740
30	TCAAAATAAA ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAACATC AACTACGATT AGTGGTGCTT	1800
	TATATATGTG GTTAGTTTTT CTAATA	1827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 616 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
40	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45	ATATAGATTA ATGTTTGTTA TTTGTACTGT GTTTGCCAGT GACATTTATT ATAAAACATA	60
	TGACGTTATT CTATGKTGTA CTCATTCTCT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA	120
	TTATTAATAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA	180
50	TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT	240
	TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTT TTCGAATCTA TTCTTTTATT	300

55

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAaG TTGCACaATA GAAATGaTGT 600
 TCACTGAATT CACCAA 616

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 944 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTTGATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACTTAC CTTTGTACTA TGTCTTCTTT 120
 25 ACAGGAAGTG nAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCCT 180
 GTGACATTAG AAATGGGCGG TAAATCTCCa GTCaTCGtTG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240
 gTTGCTAGTG AGCGCAITTG TTTTGGGAAA TTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTGCa 300
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCAITGTA 420
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TTACTIONACA GTGCACAAAT GAATATTGTA 480
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTGGTC CTATCTTACC GATTTTAACG 600
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTCACCAAA GACCAAAACC TTTGAGTTTA 660
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTTGGC 720
 GGCGGCGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780
 45 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GGTAAATATT CATTGACAC TTTTACACAT 840
 GAAAAAAGCT ACATTTTCAA ATCnACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATTT ACCACCATAT 900
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAAGCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 4820 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

	TCTCCAGTAG ACCTTGTGTA TGAACAGTTT CTTTCATATG AATGAACATC GTTTTTAAAG	60
10	TTTGTTTCAA CTCAGCCTTA TCAGGATAAT ATCTAGAGAC AGTCGTCTCT GGCATCTCCA	120
	TTGTATGATA TTAAACCTTA TGCAGCGACC CATGATTTTC GTTATAAACA AATGTATGAT	180
	TCACTTCATC GAAATCATGA TCTTCTCCTG CAATCCAAAA AACTGGTACT ACTTGTGCT	240
15	TATGTGTATC CGTTAATTCC TTAGATAAAG TAATGATTGa AAATATTTTA TGGAATGTAT	300
	ACAATGGTCC CCCGAAAAGC CCTGCTTGTT GTCCACCAAT CACAACTTT GAACCATTAG	360
	CTAAATGTTG TATGTTTAAT TCTTGTTTAC TTGAAAGCTT GAAAGCTTTA AATCACTCAT	420
20	ATATTCACGA ATAACATTCT CTAAATGCCG TTCTCTTCCA TTATTTTCTT TAGACATCCT	480
	TTTTTCAAAA CTAGTTTGTT GAGCTGCATC ATATTGAAAT AATCCTGTTA TTACAGGGTC	540
	ACTGCTCTTT ATTTTGGTA TAACTGATC TTTTTCATTT AAATAACTA CTTTACAGTC	600
25	CATGTTTTTT CTCCTTAAGT ACGCGATTAC AACTATAGT ATAAAGTCTA TACCGGTGAT	660
	TGACAATTTT ACGGCTTGAA AATCAATTTA ATCATGGAAA ATTTATAATA TTCATTGTTT	720
30	TACATTTTCA AATCAATGAA AAACACAAGT GGTTTAATGT ATAATAATAG TAGTAAACAA	780
	ATAAGGGGTA GATAAATATG AGTGAAATCA AACGTCTTGA AATTAATTAC AAAACTGACG	840
	AATTATTCTA AAACTTTAGA GCGTTTGCA ACAAAGACTT ATACATGGTC AATGAGTTAA	900
35	ACGGTCAAAT GATTGATGCA AGTTCAGATT CACCATTTTA TGGCATATTT GTCGaGATCA	960
	ATTAGGAGCT AGAATGGCAT TACTAAAAAA AGGTGATGTC GAAGAAATCT ACTTCCCAGA	1020
	TTTGAAGAT TATATATTAT TATGGAAGTT AGAAGTATTA CCAAATATC AAAACAGAGG	1080
40	GTACGCTTCA GAATTGATTG ATTTTGCAAA GAGTTTCAAT ATGCCAATTA AAGCCATTGG	1140
	CAGAAATGAT TCTAAGGATT TCTTTTACA TCATGGATTT ACAGATGTGG AAGCTAAAAA	1200
	TATAGAGGGA CATGATGTCT TATTGTGGAA ACCATAAGAT AATAATATTC GACACTACGA	1260
45	GCATGAAAAT GCATCTTTTC GTAGTGTCTT TTTTACAATT ACTTTCITTA GCTAATATAA	1320
	GTaAATCATT TTCAAATTAT TTGTCTTAAC GTACAATATC ATTTAGTTGT TTCCATGrAT	1380
	TAATTTTATA ATCAGGTATA ATTCTGGAT TATGATCAAA TCCTCTAAaA TTAAACCAGC	1440
50	AAGTAGCTAT ACCcGCATTG ATTCCACCTA GAATGTCAGA TGTTAnAGAA TCTCCaACTA	1500
	TAATCGAGTG CTGtCTTTCA TCCTCACCAA TATCATTAaA AACATAATTA AAAAATTCGG	1560

55

EP 0 786 519 A2

	ACGGCGTCTG	ATTTAACCTT	CTCTTTTGCG	TTTCGGTTAC	ACCATTAGTA	ACAATATATA	1680
	AATCATGTCT	TTTCGATAAT	TCGACAATTG	TTTCTAATGT	TTGATCAAAG	TATTTAACTT	1740
5	TAGCTTCTGC	TAATCCATTT	CTAAATAACA	CATCTGCACG	ATGCCCCATCA	ACTTCCATTT	1800
	GATGATGTTT	GAAGTAATTC	ACAAATCGTT	CTGATAATAC	TTCAGACTTC	GkTAATTTAT	1860
	TTTGkTGAAA	AGCTTCCCAA	TGTTGGTGaT	TGaTTTTTTT	AAATGkTAAA	AAATCATCCy	1920
10	TTGTGTGCTT	ATGATTAAAA	ACATTGCGCA	TATAGTGAAn	CGCCCATTCCT	TCTGcATCAT	1980
	AAAAATCAAC	AATTGTATCA	TCAAAGTCTA	TCAAAATATT	TTTATATCCC	AATTTCCCCA	2040
	TCTCCTATAT	TGTCTATGTA	TCTAAATCTT	AACAGAGGCT	CAAATTTCTG	CAAATAAAAT	2100
15	AAACTGAGTG	CATAACATTA	AAGTATGCTC	ACCCAGTTTA	TTTTAAAGAA	TATTAGTTAT	2160
	TATATTAGAA	TCCAAATAAT	TTACCTAGTA	AACCCACACC	GTTAGCAACG	ATGTCTACGA	2220
	TACTTGTGCC	TAATTTTACA	CTATCATGTT	GTTGTGCAGC	TTGCACAGTA	TTTGCGATTG	2280
20	CTTCTGCTAG	TCCAGTCATT	TAAATCTCTC	CCTCACCTTT	GAAATAATAC	TGATTACTTA	2340
	CATAACATAT	TGAAATTAGA	ATCCGAATAA	TTTACCTAAT	AAACCTACGC	CATTTTCAAC	2400
25	GATGCTCACA	ATGCTTGTGC	CTAATTTTGC	GCCATCAITTA	TTAATTGCTG	CAGTTACGGT	2460
	ATCTTTAATT	GCGTTAAATA	AACCTTCCAT	TGAAAACACT	CCTTAAATTT	TAAATTTGAA	2520
	GATAACAAAA	ACGTGCGTAg	yTTTTAAATC	ACCGAAATGT	TATTCGCTTA	ACGTTTGTGTT	2580
30	GTTGTTATTT	TAAAATAAAT	TTGATGCAAT	TAGTTTGTTT	ATCCGCACAA	CATCTTATAA	2640
	TGTACTTAAC	TGTATTTTAA	AGAGAAAAGA	AATACAGTTA	GGCATTCAAA	ACTGTATTTA	2700
	ACACAATTAA	GTTGCCTGAA	TTCGTATTTA	AGTCTTATTG	AACCTTTTTTA	GATAAATAGC	2760
35	TCTATAATAG	TGAAAAATAT	AAACATTTTT	TATTTACAAG	GTATTGCTAA	TTTAAGTTCA	2820
	TTTAGATATA	ATAATTCTTG	TGTTGTAAAA	CGTGTCTTGG	TAGCTCAGCT	GGATAGAGCA	2880
	ATGGCCTTCT	AAGCCATCGG	TCGGGGGTTT	GAATCCCTCC	CAGGACGTTT	ATAGGTATTT	2940
40	TTATACGCAT	TACCAAACAA	AAGAGTTCCG	TGATTACGGG	GCTCTTTTGG	TTTTGAATTT	3000
	CAGTAATATA	GTATGATGCG	TCACCAAAC	GTCCCCCGCA	TAAGCCCCGA	AAATACAGTA	3060
	ATTAAACAA	GCATGCTTAT	TCGTTATAGA	ATTTTTTGAC	ACACAATTGA	CACGCGTCTG	3120
45	ACACTTGTTT	ATACATTTTT	AATTAAAGTAA	TTTTGTGCTC	AAATTTTCATC	TATACTGCAC	3180
	CTGAAC TACA	CCAACACTAC	ACCAAGATTT	TTAACTACTCA	CCATTTGCAT	GCGTAGAGAT	3240
50	TTTTATTATT	ATATTATTCC	TATAGATTTT	GATACTATTC	AAAATTTTAG	GGACTTTTCA	3300
	GGGGCCCCGAA	ATCCTATAAT	TATAATTATA	TACATCTAAA	AAAAATAACC	ACGTCCATCG	3360

55

ATACTATTGG CAAATTTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT 3480
 CTTTCATTTT TTCTCATTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA 3540
 5 TGTAAGTGC TCAAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCTCAT TTTGTACACC 3600
 CCCTTGTAAG TCTTCAATCA TCATTTAAAT TAAATAATTA CTTTCCACA TATTCCAATA 3660
 TTTAGGTTGC AAAGCATACC TCAAATATCA TTAATTTTGA GATTTAAATG TCAATTATGT 3720
 10 GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAATT 3780
 GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAATCAT 3840
 GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG 3900
 15 TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCAGAATCT TTGCTTTCTT 3960
 GATTTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT 4020
 20 AAACAGTCCT CTAGTTTCAT CAGTGTTTAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC 4080
 TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT 4140
 TTGGATTTTA TGCCTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTTCAA TAAAATATTT 4200
 25 AAAAGATTTT TCACTTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTTTA TTGGTATTGn 4260
 TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT 4320
 ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT 4380
 30 TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACCGAACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGy 4440
 CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCCTAA GGCGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTTT 4500
 ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA 4560
 35 ACCTTTTTTCG CCCGTATTTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT 4620
 AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGtKtCC AGACATTtGG AAAGGkCTTT TGTTTATCGA 4680
 AGTGTTATTA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTT 4740
 40 AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCThCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA 4800
 ATTAACACGT ATATTTAATA 4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4358 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATTTGGATCT TTAATATCAC CAATATTTTT AATATCTTCC GGATTCAATC CATATACTTG	60
	TACTGTATCT GAGTATTTAA TTGTGAAATA ATCACCTGAT TTAACCTTGT CATCAACTGT	120
5	AATTTGTGAT TTTAATGATA AATAATCTTG GGCTGGTACG ATTTTATTGT TTTTATCTGC	180
	ATCAACGACA GTtAATGTTG TATTTGATGT GATTAAATCA TTAACATTTT TAGCCTCTGT	240
	TGATGATGGC TGTACTGCTG CTATACGCAT TCTTGTATTG AAACGTTTAG GTGCTGTACT	300
10	TTTTGGCAAA ATGATATCTG CATTATTTTC ATTATTTGAA TTACTATTGT TATCAACAAG	360
	AGTTTCATCA TTACTCTTGA TAGCATCACT TTTAACATTT AATGTAGTTG ATTCAGTTTT	420
	GGCATCTACC TTTTTGTTTT CCTCATTAGT TGGTTGAACA TTTACCACTG ATTTATTCTC	480
15	TTGCAAATCA GGTTGTAACG CTTCTTGATT ACTTATAGTT TGTTTAGTGT TTAAATCTTC	540
	ATTCGTAGAT TTTGGTGAAG CTTGCTCATC TGATTTGCCA GTTGAAACTT CAACCTTTATT	600
20	TCCAGTGGTA GATTGTACAC TTTCTTTTTC TATTAATTTA TTCCCATTG AAGTCGTTTC	660
	ATTACCTTGa GATGATACCA TTTCTTTTGT ATTATCATTT TTAGTATTGT CTTCTTGATT	720
	TAGTTGCTGC ATATCAACTT TATCACTCGA TTGATTATCA CTTGCTGAAG TTGTCGCTcG	780
25	TTCAATTCTT TATTAGTACT TTCTGCAGCC TTTGCTTCTT GGTCCCCAG ACCAAAAATT	840
	AATGTTGTAC CTAATAAAAT TGATGCTGTT CCCACTGTGT ACTTTCTAAT CGAAAATTTA	900
	TTTAATCGAT TGGATACCAT GCCTTTCCTT GTTATTGCCG TTTTATTTTC TCTGTTTAGC	960
30	ATTAGATTAC TCCTAATTCA TCAAATTTTT AAATAATACA ATTGTTTTAA ATACAAAAAT	1020
	GTATATCAAT ATAGTATTAC ATTTTTAGAT AAAGCACAAT ACTTTAATTA TTTTTCTTTA	1080
	TCGTAAAACG TTATTTAACA TTTGTGTTTA AATAAAAGTT TTTATGAGTt TTGTAATCTT	1140
35	TATTTAATCA TCATAAAAAA TAGTATTATT TGCCCTTGAA ATTAATATCT TAGCTTTTCT	1200
	AATTCATAGA CAATTACATT TCTGTAACAA ATTAAATTGT ATCTATTCCT TAAAGATTTT	1260
40	TTGTTTTATA TCTGGGAATT TCTAAACAGA AAAAACCAGG CCACATGGAC CTGGTTAAGT	1320
	TAATCATATT ATTTATTTTG TTTTTTACGA CGACCGAATA ACAATAATGA TCCTAATGCC	1380
	GCGAATAATC CACCGAATAA TGTGCCATTA TTTGAATTAT TATTTTCACT ACCTGTTTCT	1440
45	GGTAATGCTT TAGCTGTTTT ATGCTGATCT TTAACCGTAC TCATTGGTTT AGCCGGAGTA	1500
	TGTTTACCTG CATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAATCTG AGTCGTTGTC TGAGTCCGAA	1560
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTGTCTGAA TCTGAATCGC TATCCGAGTC TGAGTCGCTA	1620
50	TCTGAGTCTG AGTCGCTATC TGAATCTGAA TCGCTGTCTG AGTCTGAATC GCTATCTGAG	1680
	TCTGAATCGC TGTCCGAATC TGAGTCGCTA TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAATCTGAG	1740

55

	TCTGAATCTG AGTCGCTGTC TGAATCTGAA TCACTGTCTG AGTCTGAGTC GCTGTCTGAG	1860
	TCTGAATCGC TGTGAGAATC TGAGTCGCTA TCTGACTCTG AATCTGAATC ACTGTCTGAG	1920
5	TCCGAATCGC TATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAGTCTG AGTCGCTATC CGAATCTGAG	1980
	TCGCTATCTG AGTCTGAGTC GCTATCCGAG TCTGAATCGC TGTCTGAGTC TGAGTCGCTG	2040
10	TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAGTCTGAG TCGCTGTCTG AATCGCTGTC TGAATCTGAG	2100
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTATCTGAG TCTGAATCGC TGTGAGAATC TGAGTCGCTA	2160
	TCTGATGTTT CTCTTCGTA GTAGCCATTA TCAAGTGTGA AATCATCATG ATCCGTAATT	2220
15	GTTACATCAA CTTGCGCCACC ATCGGCATCT TTATCATCTT CAGTTGTATT TGTACCTGTT	2280
	TGAGTTAAGC CAGCAGGTTT TTCAAAGATA ACTTTGTATT TACCACTATC TAAATTATCA	2340
	AAGCGGTATT TACCATTTTC ATCTGTYTCA GTTGTTACCAA TTACTTCGCC TTTTTCGTTT	2400
20	TGCAAAGTAA CTTTAACACC TTTAATTCCT TTTTCAGTCG AATCTTGTTT ACCATCTTTA	2460
	TTACTGTCGT ACCAAACATA ATCACCTAAA CTATATTTTG GTGTTTTGTA GAATCCACTA	2520
	TCTAATGTCA TGTGTGCAGC GTCTTTAATG ACACCTGTTG TAGTTAGTCC ATCAGAATCT	2580
25	ACAGCATCAT CTGTACCTAC ATTTGCAGTT GTCGGTGTAT AACCGGCTGG TGTGAAAC	2640
	TCTACACTAT AAGTTCCATT GCTTAAACCA GTGAAGTAT ATTTACCATT TTCATCTGTT	2700
	GTCGTACGAT CTAATTCCTT ACCGTTACTA TCTTTAAGAA TGACATAAAC ACCTTTAATC	2760
30	CCTTTTTCAT TGGCATCTTG TTTACCATCT TTATTTGTAT CTTCCCATAC ATAGTCACCT	2820
	AGATTATATT TCTTTTGGTC GCCATTAGCA GTTGATGAGC CAITCACATT TGAATAACTA	2880
35	TTTGACCAAC TATATTTAGT TTTGTCAGTG TCTAAAGTAT AATCAATTTT TCCATTATCT	2940
	GTTGAACTAT TATCTGGATA AGCAACTTGT TGAATGATGT ATTGTTTATT GCTGCTTGTT	3000
	TGGCCTTTCA TTAAATCGAC TGTAGCTGTT TTATTATCAT TACTATAAAT AACATCGAAT	3060
40	TGATCAGTAA CATCTTTAAG TTTTGAAGTA TCAGGGGTGA AACTATCCAC AAATTGATTT	3120
	TGATCTGTCA CTTCGTAAAT TTTGAAGTTT TTTGCATTTG GATTAAATTT ATATCCAGTT	3180
	AAATTAGTAA CAAACGTTTG TTTAGTATAT GTATTTTATG GTTGATTAC ATATGCAGTC	3240
45	ATATTACGCG ATAAATCTTC ATTGTTAATA TAGTTTGTAC TTGAAATAAG CGGTTGTGCT	3300
	TTTTTATTAC CATAATCGAC AATGATTTCT TCGCTATATG TATCATTACC TAAAGTTACT	3360
	TCCATTTTAT AAGCTGTTTT ATCAGTTGTT GCATTTTATC GTTTCGCAAA TGCAACTTGT	3420
50	TCAAAGCTAC CTCTAACATT TGTATATTGA TCTACATAGT TCGTAAAAGT ATATGTTGTT	3480
	GTGTTTGTG TACTATCATA AATACCTTTT GCAATAATAT TACCTTGGGC ATTATATAAA	3540

55

GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTTGCTTT TAATTTTAAA 3660
 ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAC ATGTCCTTTA 3720
 5 TCAATCGCAA TGTCAATATT TGA AAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTTGT 3780
 GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTTAAAGTTC TTGGTTTAAT AGTCGTTGTT 3840
 TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA 3900
 10 TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA 3960
 GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTTA CTA CTAGTTT CTTTAACTGT TGCACTATCA 4020
 CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTGCG TATTGTCTTT TAGTTGACGA 4080
 15 CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTGGGGCTG TCGTTTCAIT TTTTGATTGA 4140
 TTTAATTCTC CATTCGTATG TTCTGCCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAAATC 4200
 20 AATGTTGTCC CTACTAAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTTCTTAT CGAAAATTTG 4260
 TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTnCTA TTTGTnGCTG TCTTTTTATA ATTCATTTAA 4320
 TAATACTCCT TTA AAAATATC AAAATTTGAT AAATATAA 4358

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTTAA TAAGTTGCTT 60
 TCTTGCAATA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTTA AACTAATAT 120
 40 ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATTT TTTCACCAAT 180
 CCTTTTGAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TTGTTATTCA 240
 ATTTCCACA TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT 300
 45 GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTC GTGAATTCAA GTTTATGTCG 360
 AATTTATGTT ATAACGGTCA TTTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTTGAAGA 420
 TTGAATTCAT TAATTTTAAA ATGTATAATG ATATTTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG 480
 50 TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATTT AATGAAAACA 540
 TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA 600

55

EP 0 786 519 A2

AAAGTTATTC CGCAATCATA TGC GTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT 720
 AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA 780
 5 ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTTITAG ATTGGATCCG 840
 AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA 900
 TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA 960
 10 TAAcGrGcAT AGTGCATAAn yACTwCAtTT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA 1020
 TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC 1060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1262 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

25 ATAATnACTA AATACnAAAG TTAACTGTC TTACTAATAA TGA CTATGTT ATAATTTTAA 60
 AAGTGATATT TTGGGTAATC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG 120
 AGATGATTGT AGTGTTCTGT CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA 180
 30 TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG 240
 CTTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT 300
 GGTAGGAGCA CTTGTTTAAC GGAATTCAAC GTATAAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA 360
 35 GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGCACG TGATGAGTAC 420
 GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG 480
 AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT 540
 40 GCcTTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGCgT TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGGAAA 600
 TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT 660
 CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA 720
 45 TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA 780
 ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGC GCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTTGGACGT 840
 50 TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT 900
 ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCCAGTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT 960

55

TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT 1080
 TTAAGGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT 1140
 5 TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTAATCCGT 1200
 CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTAATTGGT CCCATTTGCG GTTCnGGTTA 1260
 CA 1262

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1142 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:

CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC 60
 TGTTGATTTT CCTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT 120
 25 CTTTCTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTGTGCGCA TGATTTTGT 180
 TTCAATTTGA CTTCCACACA CTTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG 240
 CATCTCACCA GTTTTTCCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTTGTAC CGCCATATTT 300
 30 AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAAACC ATTTCTTGTT GTTGGTGTGT 360
 TAAGTCTTTT ACTTTTTTAT CTGGTAAAC ACCTGCACGA AACAACGCTT CACATGCGTA 420
 AATATTTCCA CAACCTGCGA TTACTTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTTGA TTGGTTTATT 480
 35 CTTATTAGAC TGTTGATGAA TTCGATTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TGAAAAAGG 540
 TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTTT 600
 TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTTGTCA TTTGACAACT CAAAAATAAC 660
 40 ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA 720
 ACCGCCCCGCC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG 780
 45 AAAAAACGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT 840
 TTAAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATTGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC 900
 GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTT AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT 960
 50 TCCTCTTTTT ACATGTTCTA CTTCTGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACCT CACTTTATTT 1020
 TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATAACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTArTTGCAA 1080

55

TT

1142

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1814 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

	CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTAA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
15	TTCATTGCCT CGCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTG	120
	GTAAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCCGTACC TTGTACATCG	180
20	TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TTCGCTATCA	240
	GCATAAACAG TCGGTTCTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
	GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAAATC ACTCATATAG	360
25	TTAGCAsymy CTGATTCAGC ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
	TCCCCTTTTT TTTCTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTT GAAAGAGTGT	480
	GATTCAAAAC CGTTTTTCAG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
30	CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTTCATCTT GTCAGTCTTG	600
	TCTATTGGTT TAGTTCTTAA ATATCTAACG CCTGCGATAC TATTACGTTT AATTGTATTG	660
	TCGTATATGA CAAAAGTACT CATTGCATCA CTCTTGATA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
35	TTTCTAATCA TTAATCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
	TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATTG AACGCCTCAA TAACTTCTAA TACATCTTTG	840
40	TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
	TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
	AACTCAACTA AGTTCTTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
45	CGTTGGTAAT CCATGTGATG TTCAATGTAT TTACTTACTT CATTAAACGTT TTGTAATAAA	1080
	TCGGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCATTAAG TAAGTAATTT	1140
	ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTGCTTTA CTTTTAACAT TTGTTCCCTC	1200
50	CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTCGAACTG AGATTTGTGC GTTTCTAAC	1260
	CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

EP 0 786 519 A2

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440
 TAACCCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500
 5 ATTCCTTAAT TCAGCTATAC TTTTGTGTTG TGCACTATCT GCTGTAATTT CTTCTTTAGC 1560
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATTC AGCATACCTT GTTTAACATA 1620
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTCTTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAAGCACT 1680
 10 AGGATCATT ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAATGTC TTAACTCATC 1740
 TTTATTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800
 ACCTAACGCA TAAA 1814

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 686 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTnAGATT ATTACCCCTCC TTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTGGTATT TGAAAATGTG CAAAATTTAA 120
 30 TCTTATATGT TTCTTGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTTATAAA 300
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCGA TTTAGTAAGT 360
 ACTTGGATTA CTTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCCAAAA ATACGCAAAA 420
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTAAAT ATAGTCGAGC CTGTTAAAAA TAATGTTTTT 480
 40 TGGCCGGTTG CAGGAAGTTC AGTTCTATTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAACCTC 540
 TTTAATGTTC AGTTTGAAAA ACAACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600
 45 ATGTTAATTT TTTATTTTTA TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTTT TAATACCAAC 660
 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1300 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5 ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCTnAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA 60
 CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC 120
 AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAAATGCT GATTTCATGC GTTCAGCAAT 180
 10 CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA 240
 TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG 300
 TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA 360
 15 GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTCAAG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC 420
 TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAAAA CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA 480
 20 ACGATTATTA AATTACATTA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT 540
 TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTAA 600
 AGAAGAGTTC GGTTCAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTCATCTA 660
 25 TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG 720
 TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTTyCTG AAGAACAACt TGTTGATTAT TCTAAAGCCC 780
 ACAATGAACC TTCTTGGATG ACAGAATTAC GTAAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAAACTT 840
 30 TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC 900
 AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG 960
 AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAAACT TAGTAATTCA ACATAATAAT ACGATTGCGT 1020
 35 ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG 1080
 CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG 1140
 40 ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG 1200
 TTCCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA 1260
 ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTAAGTGAAGA 1300

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3135 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTTCGAG 60
 ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAAATATTA GCCAATATCA TTAACTGAA GATGTTAATG 120
 5 AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA 180
 CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG 240
 ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACCTTTTAG AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT 300
 10 TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT 360
 TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT 420
 TATCTAAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC 480
 15 TTGGTTTTGC TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG 540
 TTGTCATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA 600
 20 GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTGATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA 660
 TTAAATTGAT TGTAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA 720
 CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTATG 780
 25 TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA 840
 CAGGTAGTGC CGTTGTCAGT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC 900
 ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAAGA CAGATAAAAC ACGGGAATG ATGGATTGAG 960
 30 ATGCAGAAAT TAATATTAAG GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG 1020
 GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTAA 1080
 GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC 1140
 35 CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT 1200
 TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCGTA 1260
 AATGAAAATA CACCAAAATT AACATTGAAC GAGGGAAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA 1320
 40 AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGAAGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA 1380
 GTTCATTTAA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAAGAG CAAGGTAAGA 1440
 45 AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA 1500
 GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAATTGT 1560
 CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTT GATGAAGCTT 1620
 50 TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTAAC TCTGTCAATC 1680
 CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG 1740

55

AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC 1860
 AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG 1920
 5 CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG 1980
 AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA 2040
 TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA 2100
 10 TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG 2160
 GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCACTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT 2220
 TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTATAA CATGTCGAAT 2280
 15 GTTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA 2340
 GGTATGGCTT TAGATAAATT TTTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG 2400
 20 GAATATATTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AACTTTTATT 2460
 TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC 2520
 GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA 2580
 25 GGAGCTATAT ATATCGCAA TTATTTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA 2640
 CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT 2700
 TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGttGCACA TATCGACATA 2760
 30 CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA 2820
 CGTGCTTTAC CACAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT 2880
 ACAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAT TATGAATTAG CAGGTAACT CATGCAACAA 2940
 35 GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTTGATGA AGTGAAAACA 3000
 ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA 3060
 40 ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA 3120
 TCATGCCATT CTGAA 3135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1209 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:

55

AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTTAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTCATGG 120
TAAAGGTACA GGTGCACTTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAAGC ATAAAAGTGT 180
5 TAGTGACTIONT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATT TGGCGTTACCG TTGCAACACT 240
AAAATAAATT ATAATTTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG 300
AATACATTTT AAACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG 360
10 AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA 420
TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC 480
TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG 540
15 AATTAGCAGC TGACTIONGAA GGTAAAGCTG ACATTTTAAA ATTAGATGTT GATGAAAAATC 600
CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTTAAAGACG 660
GTCAACCACT TGATAAAGTT GTTGGTTTCC AACCAAAAGA AAACCTAGCT GAAGTTTGTAG 720
20 ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA 780
GTTTTTGT TTGTTTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGTTTACGAC 840
TTGAGAATGG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG 900
ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC 960
ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAC TAGAA TTAGTGGTGA TAAATTGAA GCACTTTTGT 1020
30 AGCATCATTC ATTTTAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTG GAAGACTATA AGCAACGAAT 1080
TAAAAATAAA TTAAATGTCT TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA 1140
TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT 1200
35 TCACGGGTG 1209

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
40 (A) LENGTH: 2410 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:

AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC 60
50 TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT 120
AACGTATCAT CACCCGAGT ATGGTCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTCCT 180

55

	GCATCTTCAA CTTCAAAAGG CCCAATCGTA TAGCCTGAAC TAATAATAAT GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA ACCAGAAATA ACCATCATCA TCTACATGAG CTAAGTCACC AGTGATGTAG	360
5	TATTLACCTG TTTGCGCTTT CGCCGTACGT tCTGGCTCTT tATAATACCC TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT CAAGTGGTAC TGCAATATTC CCTTTCGTAT TAGCAGGTAC GCTATTCCCC	480
	TCATCATCTA CTACAGTGAC CGAACTACCC GGAATGCCTT TACCCATTGA TCCAATCCTC	540
10	TGTGGTGTAT CTTTTAAAAA GCCTATAAGC AAGGTACTTT CAGTCTGGCC ATATCCATCT	600
	CTTACAGTTA AATTAAAGTA TTTCTTGAAT TGTTCAACTA CTTCTCGATT TAGTGGCTCA	660
	CCTGCAGAAA CGGCACTATG TAAATGCGTT AAGTCATAAT CATTTAAGTT CTGTAATTTA	720
15	GCCATCATAC GATATTCTGT CGGTGTACAA CATAAAACAT TAATTTGATA TTTTGAAGC	780
	AATTCTAAGT ATGTTTCAGG ACTGAACCTT CCATTAAATA CAAAAGCAGT TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG ATAAGAAAGG ACTCCATACC CATTTTTGCC AACCTGGTGc TGCTGTGCC	900
	CAAACTAAGT CATCTTCATT aATACATaAC CAATGTTTTG GTGCCATTG TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTc CATGACAATG TGTAACGGCT TTAGGATTGC CAGTTGTACC AGATGTATAT	1020
25	GACAGAAATCG CCATATCATC ACGCGTCGTA TCTGCCATTT CTAGTTTGTT ACTTGCCTTT	1080
	TCTTTTTCAG CTTCAAGTGA AATCCATCCA TCTTTTTGAC CGGCAATAAC AAATTTAGTT	1140
	AACGCATCAT ATTCTTTAAT TTTTCAAAT TCAACTGTGA ATGGCTCTAG TGCAATAACT	1200
30	GCATTAATTT CACCATGTGT GATACGGTAT TGTAAATCTT TAGTTCTTAG CATTTCAGAA	1260
	CATGGAATGA TTGCAACACC TAATTTTAAA GCAGCAATAT ATAATTCATA CGTCGCAATA	1320
	GATCGTGGCA TCATAATGAG TACTTTATCG CCTTTAGATA AACCGTGCGA TGCTAAAACA	1380
35	TTACCTACTT TATTAGACTG TTCAATGAGC TGTGGTAAG TGA CTGATAT ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT GATATAAAAT TGCCTTTTTA TCTGGTATGT GGCTATATTT TTCGATTTC	1500
40	GAAATAATGT TATATTTTTC AGGCGCGAAT AGAGCTGACT TTTGCATAAC TAACITCCTT	1560
	TCATACATCC ACTTTTCCTG TGATGAACAT TGTAATTTTA TAAATGAATT ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC TTTACAGAAT TTTCAATTAA ATAGGGTTAA ATACCAAAGT CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC ATGACGTAGC ATTCAAGGAC TTTCAAATGA TTGAGGGTTG ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA TCAGCTAATT CAATACGAAT ATTGTATGAT AATTCACGAT TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA CCTTTCGAAG TGCCACGATG CTTGTGTGTA TGCTTGTA CT CAGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA TAAATGCTT GCCTATTTTC CCACAGCGTA ATAATGATAT AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA GGTCTTAAAA ACCTTAATGC TTTAAATCCA TCAACGTTTT TTAAATGCTT	1980

55

ATTTAACACA CATAATGAAT CATTGATAA ATCATTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100
 TGCAGTGTCA TTATTTTTTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160
 5 TCTATATTCA TCATAAATTT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTTATAT TTTTGGTCAT 2220
 ATTACTktAT ATCTATTACT AAtkcATTCC CGTATTTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280
 TyCTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAAA GTATTAATAT TTCATGCAAA TGGGGGACAG 2340
 10 GAGTCGCCCA CTATTTTTGT GTCTTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400
 AATAGCCGAC 2410

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 590 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTTAACTACA 60
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCTT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180
 30 CGAACAGCGG GTTTTAACAG TATAGATATA GCAAGCATTa rCAAATCTAC CGCATTaATG 240
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTGTGA CTAAATTATA kACGTAAAGA AAATAATGTT 360
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAAC TATCTATTGT TACCATTAAAT 420
 ATCTCATTTC TATTTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480
 40 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGGTT TCTGCATTCG GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540
 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 905 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:

TATTCGATTT GAnTCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT 120
 TTTTGCACCA TCAATAAGCG TTTCAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA 180
 5 TTCATGTGAA ACATTTGCTA CAAATTCACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTTGT 240
 TATATCATGC ATCACAaACTA AAATCCCTTG CAAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAAAATCGG 300
 AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTC 360
 10 ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAAACTTTC TAAAAATTAAT TGCTCAATTT CAGTATTAAC 420
 ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAAGTGT CATAATACGC 480
 TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCATTTTC ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT 540
 15 TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTGGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG 600
 GCGTCGTGCT AAATCATTGG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTTCTACAA CATTACTTTC 660
 20 AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTTGC CAACAATTGT GTTGcATAAG TAACTTCTTG 720
 AATGGGACGG ATTAATGTAC GCTTAAAACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC 780
 AACTAAACAT GTCAAAATAA GATATTTCCA CAACGTCCA TGCATTCTG TAATATCGTT 840
 25 ATTGTAACTT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC 900
 CCTTT 905

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1016 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA 60
 40 CCCAAGAAAT ACGTTTTGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT 120
 TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTTGAAT TTTATTATTT TACAGAATCG GAATTTTCAG 180
 AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA 240
 45 AAGATTTGaT AAAGCATATG CCGAATATAT TTTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG 300
 ATAAAAAGAC ATATATGTTT TATAAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT 360
 50 ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAATATGTC TTAATATGGT 420
 TATGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGGCGGGT 480

55

ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCTTTCATT ATTTATTTT GGTAAAATAG 600
 TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG 660
 5 GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTTC AGTTGGGGCT AGTGGTGCTA 720
 TATTTGGTCT GATTGGATCA ATTTTTCGCA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTAAACAAAA 780
 AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTCTCT CTGTTTATGT 840
 10 CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCAATTGG TGGTTTATTA ATAACCTTAA 900
 TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGtAATA TTTTTGGaT TtAcTAAITG GTATGctTgt 960
 tATATTTawT GCACyTCmAA TTagAtTTTT ACmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA 1016

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

AACTTTAAAT TTAGACATCT TTAAACCTC TCTTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT 60
 ATTTCAAATG AACAACTACTA TTGCTTGAGA CCATTAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT 120
 30 CTATAAAATT AGCTTTCCAA TAACTGTGTT GTTGCAATAT ATCATTCACA AGTACACCAT 180
 TTTCGGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TTAAACAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC 240
 TAAATTGTTG AAGACCCTTA CAGGATAAAC GIATAGCGTC TGAATTCTCA TTAAACAATG 300
 35 CGGCTGGgCA AACAAATGAC ACATTGTAAT TCATGTTTGA ACtTCGTTAC AATCaTCGTG 360
 kCatTTTGat AAATAACAAT CCCTCGTAAT kGATTAAAGTA TATTAT 406

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1378 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGTTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAAACCTT 60
 AACACCATCA AATTTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA 120

	AGGTACAGCG TTAAAACTAA GAGAAGCCAT CAATTATGAT GAAATGGTTA TTGTAGATAG	240
	TATGACGTAG TTCCTAATTA TGCKAAAAGG GATTGATGAA AACTGAAGG GCTTTTCATC	300
5	AATCCCTTTT ATTTTAGGGG AATTGAATAG ATAGTTTAA ACTATACGAA TTATTAATAT	360
	TTGAGATTTA ATTGAAATAA GTTTTAAAAA TTGGAGGAGA TAGATTAAGC GAAGTCATTT	420
	AAAGGTGAAG TTAAGTGTAT TCACAAAAAn TAGCCACACT CATATGACAT CGGATGAGTG	480
10	TGGCTTAAGG ATCTATGGGG GGAGGAAnCC ATAGATGTTT ACTTTGATAG GCCAGATTAA	540
	ATATCAAAGT ATGCGATTAT TTATAGCTTG ATGCAAAAGT GGTATGCCTA TTAAAAGTTA	600
	CTGCACATAG CTTTTAATAT TCCGTTCAAA GGAAAGGGGC ATACAATTGA ACAATCTGTA	660
15	ATAGTACTTT TAACCAGCTA TGCTAAAAGT CTAGTAGGGA GAACAGTTGT CCAATCACAT	720
	AAGAACCTCT AACTTCGTTA GTACGATTAA GAAAAGCTTT TTAGTTAGTA TGTAAACAA	780
	TTTATTGACG CGCGTGAATC TCTTTTATAA GAGTGTGTAG GGAATGGCGT TGTATAAATT	840
20	GTATTAGAAG AACTTCTAAC GCATCTCTGT GGTAAAAGA GATGAAGGGA ACGACAGTTT	900
	aATTAAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTCTCGT TCAAAGAGAA GCAGcTGTTC	960
25	GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTTAA AGAGTGATAA	1020
	ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAAgAG	1080
	AAGCAGCTGT TCGCAgTTTA ATCAAAACCA CATAAAGCTT TTAACCTTAC TCTTTGATT	1140
30	AAAGAGTGAC AAATGTTTAC AGTTTAATTA AAAGTGCATA AGAACTTCTA GCTTTTCTCT	1200
	TTCGTTCAAA GAGAAGTTCT AATACCACCA TATCGTGCGA TCGGGAACGG TATATATATT	1260
	AATAGGAGGG TAATATATAT TTAACGCACG ATATGGGACT ATTAGCCTTC GACTTTGTTA	1320
35	TGTTGATGTG TGGCCTAAAA TATTGGAGAT ACCAATATTT TAGGTTGCAT CAACATCA	1378

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 469:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
40	(A) LENGTH: 4171 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 469:

	TCCCAACCAA TAATCGTGGC AAAAATACGG ATATTGGTAT GGCTTAACAA ATTGCAAATA	60
50	TCGTTTAATC ATACATCCCC CCTAATCTAT TGCCCTATCC TATTCaTAAG CATAAAAATG	120
	AATAGAGGTT GGATACATAA TTTGTAGATG TAAATTCTTC TTACAATTTA CATTTTTTAA	180

55

EP 0 786 519 A2

	TTATATTCTA TTCAATTTAA TCTATGGATA CTGTGTCCCC ACACGACAGC AAAAGTTATC	300
	ATACTTCTTT ACATCACTAA GTCAATATAA ATGATTTAAT CAGTATTTAC ACTTTATTTG	360
5	CTTAATACTG TCTAATTTTT TTGTAACGTT CTTTCCAAAC TTTGATAAAA TCTGGCGCGA	420
	ATGGGCCCTT CTTCTGTTCT ATCCATTGTT GAAGAATGTC CACGTTGCGT CTTAAAATAA	480
	TATCAATATC ATGCGGATAA TTCATTGAT TCATATGTTG CTCATATTCA TCTTCATCTA	540
10	ATAAATGATA CTTTCCGTTT GGATATACTT TAATATCTAA ATCATAGTCT ATATATTTTA	600
	ATGCCTCTTC ATCACAAACA AATGGTGATG ACAAATTGCA ATAGTAATAA ATTCCATCTT	660
	CTCTAAACAT GCAGATAACA TTaAACCAAT ATTCTGAGTG AAAGTaACA ATTGCCGGTT	720
15	CACGTGTTAT CCAAGTTCTT CCGTCACITT CAGTCACTAA CGTATGATCA TTTCCACCAA	780
	TGACAACATG ATCAGTACCC TTTAATATTG TTGTTTCAGA CCAAACGCGA TGAATCTTAC	840
20	CATCATGTTT ATAACCTGTA ATTTTAATGT TTTCCCCTTC TTTAGGTATG GATTCTCTGA	900
	CCATACTCCA CACCACCTTC TGTTAATTTA ACCATTATAA ATTATAGCAT ATTTCAGAAA	960
	TAGTATTATA TAAATACATA TTTTACGAA ATAAGATTTT ACTACTTAAT AATTAAACTC	1020
25	GGTAATATTG CTAAGTACTA CAACAGAGAT TTACATGTCC CATTTAAAGT ATATAAAATC	1080
	ATCACTTTTA TATATCAACA CTTTAACTTT TTGACATTGT TATTCTATGA GATTTAAAGA	1140
	TATCATTTAT ACTTTTTTAA ATTAATGTCA CTATGTTTTT CGATAATATT ACCAATCATC	1200
30	GAATGTTACC CATTTATAAA TTGATAAATs TTTGACATAG GTACAGGGAA TGTATATTGA	1260
	TCTCGATCAC TTAAATCAAA CCAAATCATG TCATCTGGTA ATGTTTCAAT GTTAATTGCT	1320
	CCTGAAACGG CGTATACTTT AATCTTCCAT GTTAAATGAG TAAATTGATG CTTCAACTCA	1380
35	AAAATAGGTG TTTCTACTGG TTGAATGTCA TGACCGATTT TTTCAGTCAT TTTACGTCTA	1440
	GCATGCTCAC TTTCAAACAT AGGAAATTGC CACATACCAT GCAATAATTT TTCGCTACGC	1500
	TTTGTCAACA GATATTGACC TTGATTATTT CTAATTAAAA AGACGGATTG CTCAATTACT	1560
40	TTTTTACTTA CATTTTTAGA TTTAACAGGT AACTTTTCAA ATGTACCTTT ATCAAATGCC	1620
	TCACAGTTTT CTTGAACTGG ACAAATAAG CATAATGGAT TTTTGGTGT ACAAATTAAC	1680
	GCCCCTAATT CCATCATAGC TTGATTAAAC GTTCCAGCTT CTGTAGTAAC ATACGGTAAT	1740
45	AATTCTTGTT CGTACGATTT CCTCGTCGAT TGTAATTTAA TATCTCGATA GTCATCATTC	1800
	AATCTAGACC ATACTCGAAA AACATTTCCG TCTACAGTTG CTAGTGGTAC ATTATATGCA	1860
50	ATGCTCATTa CTGCAGCTTG TGTGTATGGG CCAACACCTT TTAACGCTTT AAATTGATCA	1920
	GGATCTTTGG GAACTAAGCC TTCATATTTA TCATGAACTT CTTTAATCGC CGTATGAAAA	1980

55

	GCTTGaCTCA	AAACTTCCAC	AGTTGGAAAT	CGTTCAACAA	AACGATGATA	ATAGTCAATA	2100
	ACTGTTTTAA	CTTGTGTCTG	TTGTAACATG	ACCTCACTTA	ACCAAATATA	GTACGGATTG	2160
5	GTCGTTTGTC	GCCATGGCAT	TTCTCTTTGA	TTTTCATCAA	ACCAGTGTAT	CAAATTTTCT	2220
	TTAAAACTAG	ACTGCTGATA	CATTATATAA	ACCCTTTCCT	CACCAAAATT	AATTGTCTTT	2280
	ACTCATAATG	TTTTTATTGT	ACATTAAAAT	CATGGTTAGT	ATGTAAGTTA	ATTTAGTTAT	2340
10	TTGCGAAATT	GGATTATAAT	AGTATATATA	ATATTATGAA	ATGAGTGAAC	TGATATGGAC	2400
	ACTGCAACAC	ATATCGCAAT	TGGGGTGGGC	CTTACAGCAC	TTGCAACTCA	AGATCCAGCA	2460
	ATGGCTTCTA	CGTTTGGTGC	AACAGCTACA	ACCCTTATCG	TTGGTTCATT	AATTCCTGAT	2520
15	GGGGATACTG	TTCTTAAATT	AAAGGACAAT	GCAACATATA	TTTCGCATCA	TAGAGGTATC	2580
	ACGCATTCCA	TCCCTTTCAC	AATACTATGG	CCAATTTTAA	TTACATTTT	AATATTCACG	2640
20	TTCTTTTAGTG	GAACCAACCC	ATTTCATGTA	TGGATGTGGG	CTCAGCTCGC	AGTATTTTAA	2700
	CATGTCCTTG	TAGATATATT	CAATTCCTAT	GGTACACAAG	CGCTTAGACC	TATCACAAAC	2760
	AAATGGATTG	AATTAAGTGT	GATTAACACA	TTTGACCCTA	TTATTTTCAC	AGTTCTTTGT	2820
25	ATTGGTATTG	TATTATGGGT	TATAGGCTTG	CATCCATTTG	CAGTCTTCTT	TCCTATAATC	2880
	GCTTTACTAA	TCATTATTA	CATGATTCGT	TTTAAAATGA	GAGCCGTAAT	TAAGCAACAA	2940
	GCTTTAAAAG	CAATTCAACA	AGAGCATCAC	CCTGTAAAG	TATTTGTTGC	GCCAACAATA	3000
30	AAATTTATGG	AATGGCGTGT	CGCGATACAA	ACTGATGCAC	ATGACTATGT	TGGAAAAGCA	3060
	TATGGTAGGA	ATGTGGTGTT	TAGTGATAAA	GTGGAACGTC	AAACATTATC	AACAGACTCC	3120
	ATTTTATGGA	AAGTCAAAGG	TAATAAAGAT	ATACGTACTT	TTTTAACTT	TTCATCAATC	3180
35	TATCGTTGGC	AAACAACAAC	GTTAGCAGAT	GGTCTACTG	AAATTCGTTT	GATTGATTTG	3240
	CGTTATTTAA	AAAATGATCA	TTATTCATTT	GTGGCAATTG	CACATGTAAC	AAACGATAAT	3300
40	GTCATAGACC	ACTCTTATAT	TGGCTGGGTA	TTTACAGAAG	ATAAGTTACA	ACGTAAACTG	3360
	TATGCTAAAT	AATTTCAAGT	TATTATTCAC	TAAAGTTAAT	CTATAAAAAA	TGAACAACCG	3420
	GGCAGAATGA	AAATCAAAAC	GATTTTACT	CTGTCCGGTT	TTTAAATGTA	AAACTATGAA	3480
45	TGCTTTTACA	AAATCTAAAA	TTTATATTGT	TGCTAACAAA	CTACCTTTAA	TGACTCGAAA	3540
	TATCAAAATC	AGTATAGGAA	AACAATATCT	AGATGATATT	CTAATTGTTT	CTGATTCTCA	3600
	CAGATTAATT	TACACAACAG	GTCAGCTAAA	CATCATGAAG	AAGTATCCGC	CTCGTCTGTA	3660
50	CTATCATTTG	AAACATCCTG	TTGATTATCa	GTTTGTGTCA	CTTTAGATGT	TTTATTaTAA	3720
	ATTGCGTGTG	TCGTATACCT	TGCTAATACG	AAATTTACTG	CAGCTATTAA	ACATAAGAAT	3780

55

EP 0 786 519 A2

TGTGCTATAC CATTAACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAT 3900
 ACATGATTTG GATTTGGTAT GAAAATAATT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC 3960
 5 CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGWT AACAGTCGAA TAAGACCAAA AGTAACGGAT 4020
 ATTAATCCTA CAAAAATAGT TGCCATCACA ATAAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT 4080
 TCGAAGTTTA CTGGTTTAAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA 4140
 10 CTTAAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G 4171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 9821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAATaG GGGCTTTCAA 60
 25 AATAAtCAAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT 120
 CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA 180
 TACAACCTAT CCAAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG 240
 30 TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTTAC 300
 ACCAGAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC 360
 AAGCACAGCA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT 420
 35 AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC 480
 GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTTTCAGTG ACAGTAACAA ACGGATAGGG 540
 ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTTT TATTTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT 600
 40 TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT 660
 AACAATGGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAA 720
 AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA 780
 45 TTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAAACCTAT 840
 ACAAAGCCT TACAAGATAT ATTTCGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA 900
 50 ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA 960
 ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA 1020

55

	AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTTAAGAAAA CTTTTTGGAA	1140
	GCTAGAAAGG AGGTTAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGA GCTGAAATTA	1200
5	GACCATTTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTGTGTAAT	1260
	AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTT GATAAGTCTG AAAAATCAAT GGAAAAATAT	1320
10	CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTAAAGTTC AAAAAAGAT GTATTCTCAA	1380
	GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA	1440
	GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAGAAAA ATTAGCTCTT	1500
15	GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTAAAAAGC TGAAAAATCAA	1560
	TATAAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT	1620
	GCAGAACAAA AGCTTaaGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAACTAAA AAGAGCAAGT	1680
20	GACGCrTACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTTGT TGAACAATAT AAACAAGAAG	1740
	GCAATCAAGT TCAAAAACTA AAAGTGCAAA ATGACAATCT TTCAAAATCA AATGATAAAA	1800
	TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAAA GAATTTAATG	1860
25	ATTTAAACAA TACTATTAAG AATCATAGCG CTAATGTGCG AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA	1920
	ATAAGAAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCaAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA	1980
	TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCGGTAAA CTGCAAGTC	2040
30	AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTTAGTT CTATTGGAGA CAAAATGACT TCCCTGGGAC	2100
	GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTTAGGTGCA GCATTAAAAA	2160
35	CGAGTGcAGA CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA	2220
	AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAACA AGTAAAAGTG	2280
	CTAACGaAGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA	2340
40	CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CAgcAGaAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA	2400
	CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTCGG TTAAAAAGCA TCTGATGCAA	2460
	ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA	2520
45	TGGGAGATGC ATTAAAAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG	2580
	ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA	2640
	CTGCATTAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA	2700
50	TGAAAAAATT AGGTATTcAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTTGTTGGA ATGGGCGAAT	2760
	TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAAA TTAGCAACAG	2820

55

EP 0 786 519 A2

	CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG	2940
	CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GGCGCTTTTG	3000
5	AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG	3060
	GATTAACAAA ATTAGTTGAT GGATTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG	3120
	TAGGCTTAGC AATTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA	3180
10	TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA	3240
	ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTTAGGTCTT CAAACATTAT	3300
	TTCTTGTTTC TACAACAGGA AAAACGTCAA AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT	3360
15	TGTTTAATTT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATTCTGC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT	3420
	TCAAACTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAAATC CTTATTGCA GTAAGTGGAG	3480
20	GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTTAACAGG ACCTATAGGT GCTACAATAA	3540
	CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA	3600
	GAAACGGTAT TAACGGTTTA GGAGAAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAAA ATTATTGGCG	3660
25	GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA	3720
	AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC	3780
	TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTTAAAGGAT TTATGCAAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA	3840
30	AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT	3900
	TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA	3960
	ACTCGGGTCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAAGTTTT GAAAATTGAA GCGGATTTAT	4020
35	CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAAA GAAATAAAAA GGAAGTCTGAA AAAAGTCAAG	4080
	AAC TTATTGA TAAGTATAGT GCATTCGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAGTAGAA	4140
	CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG	4200
40	AATTGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTTACA AAATGAAAGA AAAGAAATTG	4260
	AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG	4320
45	AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG	4380
	CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGGATA	4440
	AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA	4500
50	AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT	4560
	CTAAAAAGA TGCTGTAGTA GACGTGTGTA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAAGAAA	4620
55		

	GTTGGTGGTC TAACTTTAGA GAAGACCAAA AGAAGAAAAG TGATAAATAC GCTAAAGAAC	4740
	AAGAAGAAAC AGCTCGTAGA AACAGAGAAA ATATAAAGAA ATGGTTTGGA AATGCTTGGG	4800
5	ACGGCGTAAA AACTAAAAC TGTGAAGCCT TTAGTAAAAT GGGCAGAAAT GCTAATCATT	4860
	TTGGCGGCGA AATGAAAAA ATGTGGAGTG GAATCAAAGG AATTCCAAGC AAATTAAGTT	4920
	CAAGTTGGAG CTCAGCCAAA AGTTCTGTAG GATATCACAC TAAGGCTATA GCTAATAGTA	4980
10	CTGGTAAATG GTTTGGAAAA GCTTGGCAAT CTGTTAAATC GACTACAGGA AGTATTTACA	5040
	ATCAAATAA GCAAAAGTAT TCAGATGCCT CAGATAAAGC TTGGGCGCAT TCAAAATCTA	5100
15	TTTGGAGAGG CACATCAAAA TGGTTTAGCA ACGCATATAA AAGTGCAAAG GGTGGCTAA	5160
	TAGATATGGC TAATAAATCG CGCTCGAAAT GGGATAATAT TTCTAGTACA GCATGGTCGA	5220
	ATGCAAAATC CGTTTGAAAA GGAACATCGA AATGGTTTAG TAACTCATAC AAATCTTTAA	5280
20	AAGGTTGGAC TGGGGATATG TATTCAAGAG CCCACGATCG TTTTGATGCA ATTTCAAGTT	5340
	CGGCATGGTC TAACGCTAAA TCAGTATTTA ATGGTTTTAG AAAATGGCTA TCAAAAACAT	5400
	ATGATTGGAT TAGAGATATT GGTAAAGACA TGGGAAGAGC TGCGGCTGAT TTAGGTAAAA	5460
25	ATGTTGCTAA TAAAGCTATT GGCGGTTTGA ATAGCATGAT TGGCGGTATT AATAAAATAT	5520
	CTAAAGCCAT TACTGATAAA AATCTCATCA AGCCAATACC TACATTGTCT ACTGGTACTT	5580
	TAGCAGGAAA GGGTGTAGCT ACCGATAATT CAGGAGCATT AACGCAACCG ACATTTGCTG	5640
30	TATTAAATGA TAGAGGTTCT GGAAACGCCC CAGGTGGTGG AGTTCAAGAA ATAATTCACA	5700
	GGGCTGACGG AACATTCCAT GCACCCCAAG GACGAGATGT GGTGTTCCA CTAGGAGTTG	5760
	GAGATAGTGT AATAAATGCC AATGACACTC TGAAGTTACA GCGGATGGGT GTTTTGCCAA	5820
35	AATCCATGG TGGTACGAAA AAGAAAAAAT GGATGGAACA AGTTACTGAA AATCTTGGA	5880
	AAAAAGCAGG GGAATTCCGT TCTAAAGCTA AAAACACAGC TCATAATATC AAAAAAGGTG	5940
40	CAGAAGAAAT GGTGAAGCG GCAGGCGATA AAATCAAAGA TGGTGCATCT TGGTTAGCG	6000
	ATAAAATCGG CGATGTGTGG GATTATGTAC AACATCCAGG GAACTAGTA AATAAAGTAA	6060
	TGTCAGGTTT AAATATTAAT TTTGGAGGCG GACTAACGCT ACAGTAAAAA TTGCTAAAGG	6120
45	CGCGTACTCA TTGCTCAAAA AGAAATTAGT AGACAAAGTA AAATCGTGGT TTGAAGATT	6180
	TGGTGGCGGA GGCATGGAA GCTATCTATT TGACCATCCA ATTTGGCAA GGTGTTGGGAG	6240
	TTACACAGGT GGAATTAACT TTAATGGCGG TCGTCACTAT GGTATCGACT TTGGTATGCC	6300
50	TACAGGAACG AACATTTATG CTGTTAAAGG CGGTATAGCT GATAAAGTAT GGAATGATTA	6360
	CGGTGGCGGT AATCTATAC AAATTAAGAC CGGTGCTAAC GAATGGAAT GGTATATGCA	6420

55

	ATCAGGTGCT ACAGGTAATT TCGTTAGAGG AGCACACTTA CATTTCCAAT TGATGCAAGG	6540
	GTCGCATCCA GGGAAATGATA CAGCTAAAGA TCCAGAAAAA TGGTTGAAGT CACTTAAAGG	6600
5	TAGTGGCGTT CGAAGTGGTT CAGGTGTTAA TAAGGCTGCA TCTGCTTGGG CAGGCGATAT	6660
	ACGTCGTGCA GCAAAACGAA TGGGTGTTAA TGTTACTTCG GCTGACGTAG GAAATATCAT	6720
10	TAGCTTGATT CAACACGAAT CAGGAGGAAA TGCAGGTATA ACTCAATCTA GTTCGCTTAG	6780
	AGACATCAAC GTTTTACAGG GCAATCCAGC AAAAGGATTG CTTCAATATA TCCCACAAAC	6840
	ATTTAGACAT TATGCTGTTA GAGGTCACAA CAATATATAT AGTGGTTACG ATCAGTTATT	6900
15	AGCGTTCTTT AACAACAGAT ATTGGCGCTC ACAGTTTAAAC CCAAGAGGTG GTTGGTCTCC	6960
	AAGTGGTCCA AGAAGATATG CGAATGGTGG TTTGATTACA AAGCATCAAC TTGCTGAAGT	7020
	GGGTGAAGGA GATAAACAGG AGATGGTTAT CCCTTTAACT AGACGTAAAC GAGCAATTCA	7080
20	ATTAAGTAA CAGGTTATGC GCATCATCGG TATGGATGGC AAGCCAAATA ACATCACTGT	7140
	AAATAATGAT ACTTCTACAG TTGAAAAATT GTTGAAACAA ATTGTTATGT TAAGTGATAA	7200
	AGGAAATAAA TTAACAGATG CGTTGATTCA AACTGTTTCT TCTCAGGATA ATAACCTAGG	7260
25	TTCTAATGAT GCAATTAGAG GTTTAGAAAA AATATTGTCA AAACAAAGTG GGCATAGAGC	7320
	AAATGCAAAT AATTATATGG GAGGTTTGAC TAATTAATGC AATCTTTTGT AAAAATCATA	7380
	GATGGTTACA AGGAAGAAGT AATAACAGAT TTAAATCAGC TTATATTTTT AGATGCAAGG	7440
30	GCTGAAAGTC CAAACACCAA TGATAACAGT GTAACATTA ACGGAGTAGA TGGTATTTTA	7500
	CCGGGCGCAA TTAGTTTTGC GCCTTTTTC TTAGTATTAA GGTGGGCTA TGATGGTATA	7560
35	GATGTTATAG ATTTAAATTT ATTTGAGCAT TGGTTTAGAT CTGTGTTTAA TCGCAGACAT	7620
	CCTTATTATG TTATTACTTC TCAAATGCCT GGTGTTAAAT ATGCAGTGAA TACAGCTAAT	7680
	GTTACATCTA ATTTAAAAGA TGGTTCTTCA ACTGAAATTG AAGTAAGTTT AAATGTTTAT	7740
40	AAAGGGTATT CTGAATCAGT TAATTGGACC GATAGCGAGT TCTTATTCGA CTCTAATTGG	7800
	ATGTTTGAAA ATGGAATTCC TCTTGATTTC ACACCTAAAT ATACTCATAC ATCAAATCAA	7860
	TTTACTATTT GGAACGGTTC TACTGATACG ATAAATCCAC GATTCAAGCA CGATTTGAAA	7920
45	ATATTAATTA ATTTAAATGC GAGTGGAGGA TTTGAACTGG TTAATTATAC AACAGGTGAT	7980
	ATTTTAAAGT ACAACAAAAG TATAGATAAA AACACTGATT TTGTTTTAGA TGGTGTGTAT	8040
	GCATATCGAG ATATAAACAG AGTGGGAATT GATACAAATA GAGGCATTAT AACATTAGCG	8100
50	CCAGGTAAAA ATGAATTTAA GATTAAAGGA GACGTCAGTG ATATTAAAC TACATTTAAG	8160
	TTTCCTTTTA TTTATAGGTA GGTGATTTAA TGGATTATCA TGATCATTTA TCAGTAATGG	8220

55

ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTTACAGT TTATAGAACT ACTCATAATA 8340
 GTTTTGTTTT TGATTTATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA 8400
 5 CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT 8460
 ATCACATAAT GTATGAATTT CAAAATCACT CAGTGAATC AAATAAGCTT GATGACGACA 8520
 GTAGCGAAAC TGGTAAAACG CCAGAATACT CTTTAGATGA GTACTTAAGA TATGGATTTG 8580
 10 CAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA 8640
 TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT 8700
 TGTGTGGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCT CCTGAAACAT 8760
 15 TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA 8820
 CTGTCAGTAC GTTGAATTA AGAACAGCTA TAAAAGTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG 8880
 20 AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA 8940
 TAAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT 9000
 GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAaAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT 9060
 25 ATAAGTTGAT TTTAGACGGC AAGCaAATTA AGCaAATTTT TGTTTTGCT AAGTCGGTTC 9120
 AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATaAAAAATA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA 9180
 TATTTTTTrGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC 9240
 30 CTTGTATGTA TGTTGGAAC TAAAAATCAA CAGTCTTAAA TTTAATTGCT GACAACTCAG 9300
 GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTGACT ACGTCGCAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGGA 9360
 TTCGATATGC TAATACGCAA ACAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT 9420
 35 TTGCAAAAAA GCAAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT 9480
 ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA 9540
 40 CTGAATTAAA GGTGTtTAAA CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG 9600
 TGTCTTTCAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCA ACAAGCGCTT AACAGACGAG 9660
 TTATTGCACA AGATAATAGA TATAACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA 9720
 45 GTACTTTGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC 9780
 AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGCTACTTGA AAACGATAAA C 9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1017 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
- 55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5 TTATTGTTTT CCAAATGGTC TTCTCGGTTA TTAAACCATC GGTTCGAATC CTACGTGCTT 60
 CACTTTCTAT CtATTAATTC AaTTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT 120
 GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA 180
 10 TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT 240
 TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAACA 300
 GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAAATCTCC 360
 15 CAAAATAGCC AGTTCAAAAT ATTAAATGCG ATTAAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA 420
 AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC 480
 CTCATCATTT TCACCTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTTGCATCTT CACTTCTTGC 540
 20 GTATTTTAAG TTAATCGATT GGGCTCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAAATTATT 600
 TAAATTGTTG CGTTTAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTC AATCCTATAA TGTGATGCGC 660
 TTTAAAATAA TAAATATTTT GTTTCAATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC 720
 25 TGTCATTTTA AAACCCGCAT GTTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT 780
 AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAAT AACAGCCTAT 840
 30 ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTA AAAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA 900
 AGGCATACCT TCATTAACCT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTTG 960
 ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCaA TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC 1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6806 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45 TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTTCA 60
 GACTCACTGA TATTAACATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TTA AAATTTT ATATGCTGTG 120
 50 TTATAGCAAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA 180
 TATTCTTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT 240

	TTAATAACAT TATTnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC	360
	AATATGTAAT GCAATAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGaCATCTA ATGCTGCATT	420
5	TAAGTATCA ATCACCTGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC	480
	CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATAIAAT	540
	ATGATCCGTT AATGAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT	600
10	AAAATTCAAC GAATCAATAA TTAAGTGTA TACATTATCA TCAGCGATT CAACTAACT	660
	TTTATAATGT GCTTTTTGTT GCTCACTTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT	720
	TTGGTCGTT AACGCCATT CCTCTTTTTT GTTAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAT	780
15	AACTTCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTT TAGTAACAAT	840
	ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTT TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT	900
20	AACTTGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA	960
	TATCTTAATT TAATTTGAT GTCTCTCAA GTGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT	1020
	CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAAA	1080
25	CTAAACGTA CTATTAAATT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA	1140
	TATGTCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC	1200
	TATATTAATA TATAATCAAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGATACAGAT GATAATTGAG	1260
30	TACAAATTTA AAACCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTTGATT	1320
	TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTAAAAATA TTTATTTATC AGAGTTCTTA TATTTGTTAG	1380
	CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTTA AAGACAGGGT	1440
35	TCTTGCCCTC TTTTCTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAAGCT ACATTGGACA	1500
	GTCCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT	1560
40	TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC	1620
	TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT	1680
	AGTAATTACC TACAACAGAT GAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC	1740
45	CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG	1800
	CGTTATCACC AAATTCAGT CCTGAATATA GTAAAATCAT GATTGCAGT GCTGTACAAA	1860
	CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG	1920
50	GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTCGGCG CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA	1980
	AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGTT ACTTGTTCTGA	2040

55

EP 0 786 519 A2

	GCAATATTAC TAAAACCATA CCAATGTAAA TGATAGCCAT AATCGGTACA ATTAACGAAG	2160
	ATAACGTAGC AATACTACGT ACACCACCAA ATATAATAAT AGCTGTTACG ATTGCTAAAA	2220
5	TAATACCTGT GATTACTGGA CTAATATTAT ATTGCGTATT TAACGACTCC GCAATTGTAT	2280
	TAGATTGCAC TGTGTTAAAT ACAAATGCAA ATGTAATTGT AATTAAAATC GCAAATACGA	2340
	TACCTAGCCA TTTTGTATTT AAACCTTTAG TAATATAGTA AGCTGGACCA CCACGGAATC	2400
10	CACCATCTTT ATCATGTACT TTATAAACCT GAGCCAAAGT CGCTTCTATA AATGCACTCG	2460
	CTGCACCTAT AAATGCAATA ACCCACATCC AAAATACTGC ACCTGGACCG CCTAAAAACA	2520
	TCGCAGTCGC AACACCAGCA ATATTACCAG TACCAACTCT CGAACCAGCA CTAATCGCAA	2580
15	ATGCTTGGA TGGCGAAATA CCCTTCTTAC CATCTTCTAA AGTTTCTGGA CGTTCTACTA	2640
	AAGCTCTAAA CATTTTCAGGT AACATTCTGTA ATTGAACGAA TTTAGAACTA ATCGTAAAGA	2700
	AGAATCCAGC TGTCAATAAT AGACCAATTA AATATTGAGA CCATATTAAA TCGGTACCAA	2760
20	CATGGACAAA TTCTTTAAAC CATCCAGGTA TTAAACTATC GAAATCTTTC AAAATAAACC	2820
	CCTCGCATCC TCTACATGAA TCATGTACCT TCTATAAAAT TAGACCGAAT TGAACCTTCA	2880
25	GTAATATAG AGATACATCA TCATTCTTA TACAATACAA GAGATTTATA TTAGTTTGGT	2940
	CAAAGTATAT CGCTAATTTA ACGATAAGTA CTTGGTCAGC ATTTAATATA AATCCCTGA	3000
	ATTTAGTCAA AATTTAACAT TACTGTATTT TATCATTTAA TTTCGTGATT GCATATAGTT	3060
30	TTAGCTAAT ATACATGTCT ATTACTTCAC CAAAATCATC TGTATCTACA ATGAATGAGC	3120
	CATTTGTATA TTGTTTCAGAT TTATGAATAT CATTAATTAA ACCATGTTCT TCATTGATT	3180
	TTGAATATAA TGTATATTGA CTATGTTTAC CTGTCACTAC ATGTGCAGCT ACAATACGAT	3240
35	GTGGATTTTT CTTTAATTCT TTTAATAAAG TTATCCaCG TTGTGCTCTT TTAGCAACTT	3300
	GTAAGATTTT AAAACTAATA CGTTTTAACG AGCCGCGTTG TGTGGCCATC AATATAGTAT	3360
	CATTTTCAGA AACACCTTCT GTCATAACAA CGAAATCTTC AGCTTTAAGA TTTATTGATT	3420
40	TAACACCAGC TGCCCTTAAT CCGGTATCTG ATAGTTCACT TGTATTATAC GTTAATGACA	3480
	TACCTTTATT AGTAATGACG GTAATTAATT GATCTTTTTC AAAGCGCATA AACTAATCA	3540
	AATCATCATT TTCTTTAACT TTAGTAGCAA TTAAAGGTTT ATTAAAACGC GTTGTTTTAA	3600
45	ATAGAGGCAC TGTACTTTTC TTAATCATGC CATTTTGAGT CGCAAAAACA TAAAATGCAT	3660
	CTGTATTAAA GTCCTTTTCA TTAAAGACAT TAATAACCAC TTCATCTTCT TCGATAGGAA	3720
50	CTATTTGTGA TACATGTTGT CCCAATTCTT TCCAACGAAT ATCTGCTAAT TTATGAACCG	3780
	GTATAAATAG ATAACGACCT TTATTTGTAA ATACTAGTAC GGTATCTTGC GTATTTACTT	3840

55

EP 0 786 519 A2

	TAAAGCTACG	AATAGAAGTA	CGTTTAATAT	ATCCATGACG	TGTCATACTT	AAAATAACTy	3960
	CTTCACTAGG	CACCATAACT	TCITTGTCAA	TTTAAATTC	TTCAATTTCT	GCTTCAATTA	4020
5	AAGACAGTCG	TTCAGATTG	AATTTCTTTT	TAATTTCAAT	CAATTCTTCT	TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC	ATCATGGTTA	TCAAGAATAT	GACGTAATTG	TTTGATTAAAT	GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTC	ACCTTCAAGC	GCAACTATGT	CAGTATTTGT	TAAACGATAT	AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC	TTCAGCCTGT	TCITTCTGTGA	ACTCGTATAC	TTGATAAGG	TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT	GTITTTTAGAG	CWACGAATCA	ATTCGATTAC	TTTATCTAAA	ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA	ACCTTCAACG	ATATGCATAC	GTTTITCTGC	ATTATCTAAT	TCAAACCTCG	4380
15	TTCTATTTGC	AACAACCTCA	ATTTGGTGAT	TCAAATAACT	ATCTATAATT	TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT	TGGACGACCA	TCACTAATAG	CGACCATGTT	GAAATTATAT	GAAATCTGTA	4500
20	AATCAGAGTT	TTTATAAAGA	TAATTTTGA	TTGATTCAT	GTTACATCT	TTTTTCAATT	4560
	CAATTGCTAT	TCGTAAACCA	GTTCTATCAG	TTTCATCAG	TACTTCAACG	ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTGTC	AGCACGTAAT	TCATCGATAC	GTTTACTAA	GCTACTTTTG	TTCACCTCAT	4680
25	ATGGAATTC	AGTAATAATT	AACTGTTTAC	GTCCATTGCG	TAAAGTTTCT	TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC	TATAATTCTA	CCTTTACCTG	ATTCATAAGC	TTTTTTAATA	CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT	ACCACCAGTT	GGAAAATCAG	GACCTTTAAT	ATATTTCAAT	AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC	CGGATTATCA	ATATATTTAA	GTGTTGCTTG	AATCACTTCA	GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGGTAT	ATCTGTCGCG	TAACCTGCAG	ATATACCTGT	AGAACCATT	CTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT	TGATGGCAAT	ACCATTGGTT	CGAGTGTCGT	ATCATCATAG	TTTGGAATGA	5040
35	AAGAACTGT	CTCTTTATTA	ATATCACGTA	ATAACTCTTC	AGCTAGTAAG	CTTAACCTAG	5100
	CTTCAGTGTA	ACGCATTGCC	GCTGGCGGAT	CATTATCGAT	ACTACCATTA	TTACCATGCA	5160
	TTTCTATTAA	GACATGTCGT	AACTTCCAGT	CTTGACTTAA	ACGGACCATT	GCTTCGTACA	5220
40	CTGAGGAGTC	TCCATGTGGA	TGATATTGAC	CAATAACATC	ACCGACTGTT	TTCGCACTTT	5280
	TACGGAAATT	TTTATCGTGT	GTATTACCAC	TTGAATACAT	TGCATATAAA	ATACGACGTT	5340
	GTAAGGTTT	TAAACCATCA	CGAACATCTG	GCAATGCACG	CTCTTGAATA	ATATATTTAC	5400
45	TATATCTTCC	AAAGCGATCA	CCTAAAACAT	CTTCAAGTGA	TAAATCTTGA	ATTATTTTAC	5460
	TCACTAGATT	TCCTCCTCAT	CAAATTGATC	ATTTTCAAGC	ACTTGACTT	CAGAATTATC	5520
50	TAAAATACTT	TGGTCCTCTT	GCATACCAAA	CTCAACATGC	TTTTCAATCC	ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTACT	TTGTCACCCA	TTAATGTTGT	TACACGTTTA	GATGAACGCA	CTTCATCTTC	5640

55

AGGGTTCATT TCACCCAAAC CTTTGTAACG TTGTAACGTG AaGCCTTAC CAAGTTCCTT 5760
 TTGCAATTTA TTAAGCTCTT CGTCTGTCCA AGCGTATTCa ACTCGCTTTG TTTTGCCTTT 5820
 5 ACCTTTTTTCC AATTATATAA GTGGAGGTAA AGCAATAAAT ACACGACCTG CTTGAACAAG 5880
 CGGTTTCATA TATTTGAAGA AGAATGTAA CAATAGCACT TGAATATGCG CACCATCAGT 5940
 ATCAGCATCA GTCATAATAA TTACACGAIT ATAATTACTA TCTTCAATTT TAAAGTCAGT 6000
 10 ACCAACGCCT GCCCCGATTG TGTGGATAAT TGTATTAATT TCTTCATTTT TAAAAATATC 6060
 TTCTAGACGT GCTTCTCTG TATTAATTAC CTTACCACGT AATGGTAATA TCGCTTGGA 6120
 TTTGCGGTCT CGTcCAAGTT TTGCTGAACC TCCCGCAGAA TCACCTTCGA CTAAATACAA 6180
 15 TTCAITTTTT TCAGTGTITT TACTTTGTGC AGGTGTTAAT TTACCAGATA GCAAAGTGTC 6240
 TTTACGCTTG TTTTCTTAC CTGAACGAGC ATCTTCACGA GCTTTACGTG CAGCTTCCCT 6300
 TGCTTGTGT GCTTAAATCG CTTTTTTCAC AAGTGATTa GACAATTGTC CTTTTCTTC 6360
 20 TAAATAGAAT GGCAATTTGT CTGCAACAAC TGAATCAACA GCACTTCTAG CTTCAGAAGT 6420
 ACCCAATTTA GATTCGTTT GTCCTTCAA TTGCAATAAT TCTTCTGGA TACGAACAGA 6480
 25 CACAACAGCT GTTAAACCTT CACGAATATC ATTACCATCT AAGTTTTTAT CTTTTGTTTT 6540
 AAGTTCATTA ATACGACGTG CATAATCATT AAATACACGT GTCATTGCTG TTTTAAACC 6600
 AACTTCATGT GTACCACCAT CTTAGTACG TACATTATT ACAAACCTA AAATACTTTC 6660
 30 TGAATATTGA TCATTATATT GGAAAGCTAC GTCTACCTCT ATACCATTG CTTACCTGA 6720
 AAATGTAGCC ACGTCATGCA AAATTCTTT TCCTTCATTG ACATAACTAA CAAACTCTTT 6780
 GATTCCTTCT TATAATGGTA TGTCTT 6806

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 473:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1716 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

45 GGGGCAAAA TTCCAATACA CTCATTACCA AATATATACA CCACTTCCTG CTACAAGTnn 60
 TTTTACTTGA TCTTGGTCTT TTCCGCAGAA AGAGCATTTT CAAATTTTCT TCATCTTCCA 120
 50 TTGAATTAA ACATCTTTTT TACACCCCTA TCGTTAAAG ACTATACTAG ATTGGATGTT 180
 ACAATGCAAC ATATTAACAT ACAAACCTTT TGCTTAAAGA ATAGTAGCAG ATACATAAGC 240

EP 0 786 519 A2

CCTCAACGA ACTTTGCGTT ATCTCTTAAT AAATCGATAA CTTTTTGGAT ACGAACATCA 360
 TTTTAAATGA TATCAGTATT ACCTAAAGTA TTTTGTATAT CTTCAACTGA GATATTAAAT 420
 5 TGTTTACTCA TTTTCTCTAA TTCTTTATCG ATATCTTCAT CAGTAGCTTC GATTTTTTCA 480
 GCTTCAGCGA TCGCAGTTAA AGTTAAGTTA GTTTTAACAC GTTGTCTGC ATCGTCTTTC 540
 ATTTGCTCTC TTAATTGAGT TTCATCTTGA CCTGAGATTT GGAAGTACGT TTGTAAATCT 600
 10 AAACCTTGTT GTTGAATTCT TTGTGCAAAT TCAGACACCA TACGATCTAA TTCAGTATTA 660
 ACCATTGCTT CAGGAATATC GATTGTTGTA TTATCAGTAG CTTTTGTAAT CGCTTCTTCT 720
 TTTTCAACAT TTTCAGCATC TGTAGCTTTT TGTTTCAGCTA AACGTTTACG TAAGTTTTCT 780
 15 TTGTACTCGT CTACTGTATT TGCTTCTGCA TCTAATTCAT TAGCAATTTTC ATCTGTTAAT 840
 TCTGGGACTT CTTTAAATTT AATTTCGTTA ACTTTTGTTC TGAAAGTTGC TTCTTTACCG 900
 GCTAATTCTT CAGCATGGTA TTCTTCTGGG AATGTTACGA CAACATCTTT TTCTTCGTCA 960
 20 ACTTTCATAC CTTCTAATTG CTCTTCGAAA CCAGGTATGA ATGAACCTGA ACCGATTCTT 1020
 AAATCGTAAC CTTCAGCTTG TCCACCTTCG AATTCTTCTC CGTCAACTGA ACCACTAAAG 1080
 25 TCGATGTTAA CTGTGTCGCC ATTTTCAACA ACACCATCTT CTTTAACGAC CATTTTCAGCT 1140
 AAATGTCCTA AGCTGTGGTC AATCGCTTCT TGTAACCTCAT CATCAGATAA TTCAGTTTCT 1200
 TGTTTTTCAA TTTCAAGACC TTTATAGTCT CCTAATTTAA CTTCTGGCTC AACTGTAAC 1260
 30 GTTGCTTCAA AAATGAAATC TTTACCTTTT TCAATTTGAG TAACACTTAC TTCtGGTTGT 1320
 GCAACTGGTT TAATATCAGT TTCGTCAATT GCTTCACCAT AAGCATCTGG TAATAAAATG 1380
 TCGATAGCAT CTTGATATAA TGCTTCTACA CCAAAGCGTT GTTCAAAAAT TGGACGTGGC 1440
 35 ACTTTACCTT TACGGAATCC AGGTACGTTA ATTTGTTTAA CCACTTTTTT GAATGCTTGA 1500
 TCTAACGCTT TGTTTACTTT TTCTGCAGGA ACAGTAACAG TTAATAAACC TTCGTTACCT 1560
 TCCTTTTTTT CCCAAGTTGC TGTCATGTAT ATATACCTCC ATGATTAACT AATTTATTTT 1620
 40 TTCAACTTCC CTATTATATC ATACGTCTAT TCCCTATACA AACATTGAAA TCACAACGTT 1680
 TATATATTTG TAAATCAACT TTTTCGTCA AAAC 1716

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 474:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 795 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTTCGC 60
 ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA 120
 5 TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTCAAC TTATTCTATC GATCAAAATC TATGGGGCAG 180
 AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTTGA 240
 TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AAACACCAGA TACTGCTGAT GrAATCATTT TAACGTTTGA 300
 10 TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAC 360
 GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT 420
 TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAGTTA TTTTAAAGC 480
 15 GCATAAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT 540
 TGAGAAGCAA TTTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTCACCTT TAACTGATAG 600
 CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT 660
 20 ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA 720
 ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT ThATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA 780
 25 TATCTATGGT TTACC 795

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 887 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA 60
 GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATGr GaAATATTAT 120
 40 GCAATCaTTG GTGmCaAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA 180
 GATATAATTA ATTGGCATTa TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGGATAT 240
 ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTTGTCCA 300
 45 CAAGGTATTG AACCAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT 360
 GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTTGTCTGA GCTTGATAAT 420
 50 GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT 480
 GGATGGATGG GGTACCgGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTCG 540

55

GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAAGAG ACAGCATTtA GGctACGCAA ATAAATTTAC 660
 TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTTGGATAA 720
 5 TGATGCTACC GAAGTGTACT TTGAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAAATTGC 780
 TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC 840
 AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA 887

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1183 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:

20 TTGGAAnCAA AAAACCATTT GTAAACCGTG TTnAACCGGA TTTCCGATGG ACCTTTTAAA 60
 AChACCAAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA 120
 25 AAACATCATG ATTTAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTT AACTGAAAAT 180
 AATAAAGTTG ATCATTTTCAT TGATGGAAAT GATTTATATG ATCAAGTTTT AAAAGATATT 240
 AAAAATGCAA AAGAtATATC CATTTAGAGT ACwATACTTT CGCTTwAGAT GGTTwAGGTA 300
 30 AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAACTA AAAATATTAT 360
 ATGATGATGT TGGATCTAAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG 420
 GTGGAGAAGT TGAAGCATTT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTTT AGAATGAATA 480
 35 ATAGAAATCA TAGAAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA 540
 ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTAC 600
 GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTAGAC TGGAATTCGC 660
 40 AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT 720
 TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCGGC TAGTGACTGG CATCAAATTG 780
 AATACGGTTA TACAAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT 840
 45 ATTTCAATCC GGATAATTCA TATATaAATG CCATTAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG 900
 ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT 960
 50 CAAATGCCTC TGACTTATTA TCAAGTGGTG TIAAAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA 1020
 TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAAATATGG 1080

CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2332 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC 60
 15 AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTCAACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC 120
 CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG 180
 20 AGATAAAGGG ACTTGGAATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAAG GGAATAATAT 240
 GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAACmACGA AGGGTAATTT 300
 TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA 360
 25 TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT 420
 AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA 480
 AGATTATAAA AATGGTGATA TTTCATATAA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA 540
 30 TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC 600
 CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAGGCT CATCCGTAGG 660
 ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTGTAGA AAATCAAGAA GAGAATATCT ATTTTTCAGA 720
 35 TTCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA 780
 AAATCTGGCA ATATAAAAGG TAACTCTGAA GAAACAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT 840
 GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA 900
 40 AAGTTACAAG AAAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC 960
 CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG AACTGGCAA AGTTACTTTA 1020
 GGTATGACAG GTACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTTCT 1080
 45 TCTTATCAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT 1140
 ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC 1200
 50 AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTCGCT GGGCGGTAGA 1260
 GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT 1320

55

ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440
 GGTGTCCGCA ATCATTATATA TGAAACTGCT GGAGAAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500
 5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTa 1560
 AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAT AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620
 ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680
 10 GGATCACTCT CTTCCTCCCw ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740
 GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800
 TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860
 15 AAAAATTAAC CTCTGAAGAG GTTATAGATG rATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920
 AACTTGAAAC AGATCCCAAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980
 ATAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040
 20 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAnAA 2100
 TATTAATGAA CTTGAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160
 TCAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACACG CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220
 25 CTTATATCTC AAACATAAAA TGAATTmymS TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280
 TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 865 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

40 TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60
 TTTAATTAGA ATTTTGTTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120
 ACTTGTTCa TTGAATCTCT GTCACGTACT GTAAC TTGAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180
 45 TCGAATGTtA CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240
 GATTGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGA ACTTA ATTGCTCAA AATCTTAATC 300
 50 GtTCGCCAGA TAATTCTTA CTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360
 GATGGAAGTG TAAA ACTGTA CGTGCATCTT TACTACCTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

55

GAATATATTT TTCGTTGTT TCTGGATCAT GGTATCTGAA ATCTTCACCA GAGTGTTCAG 540
 CATGTTTACG TAAGTCGAAG TCTGTACGAC TTGCGATACC CCATAACTCA CCCCACCAA 600
 5 ATGGGAATTT ATATTCAATA TCAGTTGTTG CATTTGAGTA ATGAGATAAT TCATCTTCAT 660
 CATGATCACG TAAACGCATA TTTTCACTGC TCATATTTAA GCTTGTTAAC CAGTCACTTG 720
 CAAAAGTTTT CCAATAATTT TGCCATTGCA TTTCTTCTCC AGGTTTACAG AAGAATTCAA 780
 10 GTTCCATTG TTcAAATTCT CTGTTCTGa AAATGaAGTT ACCTGGAGTG aTTTCaTTAC 840
 GGaATGaTTT ACCAATTTGG ACCGG 865

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1444 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

25 TAATGAGTAA ATAAGTACCA GATAAAATCA TGAATATCAT CCAACATGCG GTTAACTCTA 60
 CTAAATAATT AATAATAGTA TTTTCAGTAA ACAAAGAACT ATGTATACTT CGCATCACAT 120
 TAGAATACGT ATGTTTCGCA TTTTGATCTG CAACAAATTG ATTGTTATGA TCTAGAAAGA 180
 30 CGTAACGTTG ATTTCCCTGCC ATATCACTCA GTGTAATTG TTTGTTATAT GGTTCATCAA 240
 GTATGCTAAC TTTACTTACA AAGAATCCIT CATATTGTTG TTCAACTGA TGTACTGCAT 300
 CATTTAATGT TTGATGCGTT TTTACATCAC TGTCACCAA AACTCATTC TTATAAATAT 360
 35 TATTTTCAAC TTCTGAAAAG AACAAGTAAC CAATGCCCGA AATGGTTAAA GTGATTAACA 420
 GTGGAGCAAT AAATATTGCT GCATAGAAAT GTAATCTTTG TAATGGATTA AATGTATTTT 480
 TCATATTTCC CTCCCAATTG GCTATTATAC GGTGTCAATT CTGTGATGTG TGTGAACAAA 540
 40 CTGTGACAAAT ATTTATTTTC TAGAAAAATT TAACGATGAT TTGTGATTTT TAGAAAAATG 600
 AACTTTTAAG TTGGAATGTT TGAAGAAAAT TGATTATTCG TATGTTTTAT CAAGCAGCTA 660
 TGATAAAATT TAAACATAAT ACAATGCGAG CCATTTAACG ATCTATGTTT AAATGGACAT 720
 45 CGATATTGTA TGAATTCGTT GTAACAAGCA AGCATTCTA TGTGAACGAA CCAAAGGGGA 780
 AAGTAACATG ATTAATAAAG AACAATTAGA TCTTTTATAT AAATTAAAAA AAGAAGTTGA 840
 50 AAAGTCGCGA AATGAAGCAC TTTTACATAC AATTAACCAA GTAATTAAGA AACTATATTT 900
 GCAGCAATAT ACATGTTCTG TCGTTGGACA TTTTCTGCA GGTAAATCGA CACTGATAAA 960

55

EP 0 786 519 A2

	TATTGTGTCA GTTTCAGACA ATCACGATAT TATTGCTAAT TTGCCGAATC AAACGTATGC	1080
	CAAAATTATCT AATTATGATG AAGTAAGGGA AATGAATCGC CAAAATGTCG ACGTTGAATC	1140
5	TGTAGAAATT AATTTTCAAT CAGCTAAATT TGAAAATGGG TTTACGTTGC AAGATACACC	1200
	AGGTGTTGAT TCAAATGTTG CATCACATCA GTCAATAACA GAACAATATA TGTATACAAG	1260
	TAATATGATA TTTTATACGG TTGACTATAA CCACGTTCAA TCTGAACTTA ACTTTAAGTT	1320
10	TATGAAGCAT ATAAATGATG TTGGaATACC TGTTGTGTTT ATCATTAAATC AAATTGACAG	1380
	CATCCAAGAC GATGGAATTG TCATTCTCTA CGTnTTAAAT CTCGAGTTGG AAAAATCAAT	1440
	TGGC	1444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6309 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

25	GCAGCAGCTT ATCGTGAGTT ATCATTATTA TTACGTAGAC CTCCAGGTCG TGAACCATAC	60
	CCAGGTGACG TATTCTACTT ACATAGTAGA tTATTAGAAA GAGCAGCAAA ATTAAACGAT	120
30	GACTTAGGTG GCGGTTCAAT TACTGCATTA CCAATTATCG AAACACAAGC TGGTGATATT	180
	TCAGCTTATG TACCAACAAA CGTTATTTCA ATTACAGATG GACAAATCTT CTTACAATCT	240
	GATTTATTCT TCTCAGGTGT AAGACCAGCG ATTAATGCCG GACAATCTGT ATCTCGTGTT	300
35	GGTGGATCTG CACAAATTAA AGCAATGAAG AAAGTTGCTG GTACGTTACG TCTTGACTTA	360
	GCGTCATACA GAGAACTTGA ATCATTTGCA CAATTCGGTT CAGACCTTGA TGAATTTACT	420
	GCAAGTAAAT TAGAACGTGG TAAACGTACT GTTGAAGTCT TAAAACAAGA TCAAAACAAA	480
40	CCATTACCAG TCGAACACCA AGTGTGATT ATTTATGCAT TAACAAAAGG ATATTTAGAT	540
	GATATTCCAG TTGTAGATAT CACACGTTTT GAAGACGAGT TAAACCACTG GGCAGAATCA	600
	AATGCTACTG AACTGTTAAA TGAAATCAGA GAACTGGTG GCTTACCAGA TGCTGAGAAG	660
45	TTTGACACAG CAATTAACGA ATTCAAAAAA AGCTTTAGCA AATCTGAATA ATAAACAAGT	720
	TTAGTA'AAG GTGGTGAGAT AGTGGCTTCT CTAAAGAAA TAGATACTCG AATAAAATCA	780
50	ACCAAAAAAA TGAAGCAGAT TACGAAAGCG ATGAACATGG TATCAAGTTC AAAACTTCGT	840
	AGAGCTGAAA AAAATACAAA ACAATTCACA CCATATATGG ATAAAATGCA AGATGCAATT	900

EP 0 786 519 A2

	ACTAGAAGTG GATATTTAGT TATCACGAGT GATAAAGGTT TAGCAGGTGC ATATAGTGCA	1020
	AACGTGCTTA AAAAATTGAT TACTGATATT GAAGCGAAAC ATCAAGATAG TAGCGAATAC	1080
5	AGTATTGTAG TTTTAGGGCA ACAAGGTGTT GATTTCCTAA AAAATAGAGG TTATGACATT	1140
	GAGTATTCTC AAGTAGACGT ACCTGATCAA CCTTCTTTCA AATCTGTTCA AGCACTAGCT	1200
	AACCATGCTA TAGACTTATA CAGTGAAGAA GAAATTGATG AATTAAATAT ATACTATAGT	1260
10	CATTATGTCA GCGTTCCTGA AAACAAGCCT ACATCTAGAC AAGTATTACC ATTATCTCAA	1320
	GAGGATTCTA GTAAGGGGCA TGGTCATTTG TCTTCTTATG AATTTGAGCC AGATAAAGAA	1380
	TCTATCTTAA GTGTAATCTT GCCTCAATAT GTTGAGAGTT TGATTTACGG AACAATATTA	1440
15	GACGCAAAAG CAAGTGAGCA TGCAACACGT ATGACTGCGA TGAAAAATGC CACTGATAAT	1500
	GCAACTGAAC TTATTGATGA CTTATCATTGA GAATATAACA GAGCGAGACA AGCAGAAATT	1560
20	ACGCAACAAA TTAAGTAAAT TGTGGTGGT TCCGCAGCGC TTGAATAATA TTTAAAGGAG	1620
	GAAAAATAGCA TGGGAATTGG CCGTGTAACCT CAAGTTATGG GTCCTGTAAT TGATGTTCTGA	1680
	TTTGAACATA ACGAAGTTCC TAAATTAAT AACGCCTTGG TTATTGATGT GCCTAAAGAA	1740
25	GAAGGTACAA TACAATAAC ATTAGAAGTT GCGCTGCAAT TAGGTGACGA CGTTGTTCTGT	1800
	ACAATTGCGA TGGATTCAAC TGATGGTGTC CAAAGAGGCA TGGATGTAAA AGATACAGGC	1860
	AAAGAAATTA GTGTACCTGT TGGTGACGAA ACATTAGGTC GTGTATTTAA TGTACTAGGT	1920
30	GAAACAATTG ACCTTAAAGA AGAAATTAGT GATTCTGTTT GCCGCGATCC TATCCATCGT	1980
	CAAGCACCAG CATTCGATGA ACTTCAACA GAAGTTCAAA TTTAGAAAC AGGTATTAAA	2040
	GTAGTAGATT TACTAGCACC TTATATTTAA GGTGGTAAAA TCGGATTGTT CGGTGGTGCC	2100
35	GGTGTAGGTA AAACAGTATT AATCCAAGAA TTAATTAACA ACATCGCTCA AGAGCACGGT	2160
	GGTATTTCTG TATTCGCCGG TGTAGGTGAA CGTACTCGTG AAGGTAACGA TTTTACTTTC	2220
	GAAATGAGTG ACAGTGGTGT AATTAAGAAA ACAGCCATGG TATTCGGGCA AATGAATGAG	2280
40	CCACCTGGTG CACGTATGCG TGTTGCATTA TCTGGTTTAA CAATGGCTGA ATATTTCCGT	2340
	GACGAACAAG GTCAAGACGT ATTATTATTC ATCGATAACA TTTTCAGATT TACACAAGCT	2400
45	GGTTCTGAGG TATCTGCATT ATTAGGTCGT ATGCCTTCTG CAGTAGGTTA CCAACCAACA	2460
	CTTGCTACTG AAATGGGACA ATTACAAGAA CGTATTACGT CTACAACAAA AGGATCAGTT	2520
	ACTTCTATTC AAGCGGTATT CGTACCTGCC GATGACTATA CTGACCCAGC GCCTGCGACA	2580
50	GCGTTTGCCC ATTTAGATGC AACTACAAAC TTAGAACGTA AATTAAGTGA AATGGGTATT	2640
	TATCCAGCCG TGGATCCATT AGCGTCTACA TCAAGAGCAT TGAACCATC AATTGTAGGT	2700

55

EP 0 786 519 A2

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCTTCTTA TCTCAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCAAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAAGTC GTTGTATATGC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAAGTGA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAAAGTG AAATTTTACG ATGGAACTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCAGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGAAAA ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTGCGTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTTCTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaayA CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTTCTAAA GAAAAAGTAT TTCTTTATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCAA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAATT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTTT ATTTTTTGAA ATTAATCTACA TTTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAAACTTTGT ATCATTATTT AAATTTTTCA TGTACAATGT AATACAGTAA TCATTAGAGG	4020
40	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTTAC ATGTTGTATG	4080
	TATTTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGTATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTTACAATA CTCGACGCAG GTAAAATATT TAATAAAATA	4260
	AGTCTAATCT TATGATTTGT AATCAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TAAAAATAAT	4320
	TTTAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTTAC GATGGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGAAAA TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCAGTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500

55

EP 0 786 519 A2

	GACGTTACAT	ACAAAAAGGA	CGAAAATGCT	GTTGTCGTTG	ATGCAACAAA	GACTCTAAAT	4620
	GAAGAGGCAC	CATATGAATA	TGTTAGTAAA	ATGCGTGCAA	GTATTTTAGT	TATGGGmCCT	4680
5	CTTTTAGCAA	GACTAGGACA	TGCTATTGTT	GCATTGCCTG	GTGGTTGTGC	AATTGGAAGT	4740
	AGACCGATTG	AGCAACACAT	TAAAGGTTTT	GAAGCTTTAG	GCGCAGAAAT	TCATCTTGAA	4800
	AATGGTAATA	TTTATGCTAA	TGCTAAAGAT	GGATTAAAAG	GTACATCAAT	TCATTTAGAT	4860
10	TTTCCAAGTG	TAGGAGCAAC	ACAAAATATT	ATTATGGCAG	CATCATTAGC	TAAGGGTAAG	4920
	ACTTTAATTG	AAAATGCAGC	TAAAGAACCT	GAAATTGTCT	ATTTAGCAAA	CTACATTAAT	4980
	GAAATGGGTG	GTAGAATTAC	TGGTGCTGGT	ACAGACACAA	TTACAATCAA	TGGTGTAGAA	5040
15	TCATTACATG	GTGTAGAACA	TGCTATCATT	CCAGATAGAA	TTGAAGCAGG	CACATTACTA	5100
	ATCGCTGGTG	CTATAACGCG	TGGTGATATT	TTTGTACGTG	GTGCAATCAA	AGAACATATG	5160
20	GCGAGTTTAG	TCTATAAACT	AGAAGAAATG	GGCGTTGAAT	TGGACTATCA	AGAAGATGGT	5220
	ATTCGTGTAC	GTGCTGAAGG	GGAATTACAA	CCTGTAGACA	TCAAACTCT	ACCACATCCT	5280
	GGATTCCCGA	CTGATATGCA	ATCACAAATG	ATGGCATTGT	TATTAACGGC	AAATGGTCAT	5340
25	AAAGTCGTAA	CCGAAACTGT	TTTTGAAAAC	CGTTTTATGC	ATGTTGCAGA	GTTCAAACGT	5400
	ATGAATGCTA	ATATCAATGT	AGAAGGTCGT	aGTGCTAAAC	TTGAAGGTAA	AAGTCAATTG	5460
	CAAGGTGCAC	AAGTTAAAGC	GACTGATTTA	AGaGCAGCAG	CCGCCTTAAT	TTTAGCTGGA	5520
30	TTAGTTGCTG	ATGGTAAaAC	AAGCGTACT	GAATTAACGC	ACCTAGATAG	AGGCTATGTT	5580
	GACTTACACG	GTAAATTGAA	GCAATTAGGT	GCAGACATTG	AACGTATTAA	CGATTAAATC	5640
	AGTAAATTAA	TATAATGGAG	GATTTCAACC	ATGGAAACAA	TTTTTGATTA	TAACCAAATT	5700
35	AAACAAATTA	TACCTCACAG	ACAGCCATTT	TTATTAATTG	ATAAAGTAGT	TGAATATGAA	5760
	GAAGGTCAAC	GTTGTGTGGC	TATTAAACAA	GTATCAGGAA	ACGAACCATT	CTTTCAAGGG	5820
40	CATTTTCCTG	AGTATGcGGT	AATGCCAGGC	GTATTAATTA	CTGAAGCGTT	AcTCAAACAG	5880
	GTGCGGTAGC	TATTTTAAAT	AGTGAAGAAA	ATAAAGGTAA	AATCGCTTTA	TTTGCTGGTA	5940
	TTGATAAATG	TCGTTTTAAA	CGTCAAGTAG	TACCTGGTGA	TACTTTAACG	TTGGAAGTAG	6000
45	AAATCACTAA	AATTAAAGGA	CCAATAGGTA	AAGGTAATGC	TAAAGCTACT	GTCGATGGTC	6060
	AAC TTGCTTG	TAGTTGTGAA	CTTACATTTG	CAATTCAAGA	TGTAAAATAA	AACAAAAAAA	6120
	ACATTCAAAG	ATTTAATGTG	TTGGCATAAT	CTTTGAATGT	TTTTTATTTT	ACTCTTCTAA	6180
50	TTTTTCATCC	TTTAACTTTG	GTTTAGACTG	CaTCATTCTGA	TTAAATGATT	TTTTTAATTC	6240
	TTCACCAGAT	AATCCATCAT	CAATAAGTTG	GTTCTAATAA	ACTTTCAGCA	TACTGTTGGA	6300

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1717 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

	AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTCGTGTAT TAGGACCAAA	60
	AGGTTTAATG CCAAACCCTA AAAGTGAAC TGTAACAATG GATGTTAAAA AAGCTGTTGA	120
	AGAAATCAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC	180
	AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATtGAA AACyTCaATA CyTTACAAGA	240
	TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT	300
	AACTACAACA ATGGGTCCTG GAGTTAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT	360
	ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAATATAT TGACAATAAG	420
	TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA	480
	TAACTTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT	540
	TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA	600
	AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG	660
	ATGAAATTGC TGAGGTACTA TCAAATTCAG TTTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT	720
	TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA	780
	AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG	840
	ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACCTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG	900
	CGAAAGTAAT TTCTGGATTT GCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTTAA TCAGGCGTTA	960
	TGGAAGGCAA TGTATTACA GCAGAAGAAG TTAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG	1020
	ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG	1080
	CGGTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTAA GCGTAAAAAA	1140
	ATTAAAAATA ATGGAGGAAT TATAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA	1200
	AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAAACGACT TAGTAAAAGC AATTGAAGAA GAATTTGGTG	1260
	TAcTgCAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GGCGCTGACG CTGCAGCAGA	1320
	AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCa TCTAAAATCA AAGTTGTAA	1380

TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAAACTTA AAGAACAATT 1500
 AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA 1560
 5 AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA 1620
 TTTTGATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG 1680
 AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGGAATAA TGAGTCA 1717

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1279 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:

GTAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT 60
 TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA 120
 25 TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA 180
 TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTCG GTTTTCTTA TCGTCAAGAA 240
 TTACAAAACC TTAAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT 300
 30 CTTATAAACC TTCTGTCACA ACGAAAGATG AAATTGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC 360
 AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG 420
 ACAGCTTAAT TAACTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACaAATTA 480
 35 TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATAITTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT 540
 TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG 600
 AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG 660
 40 GTAAaAGTGG TGTGTGTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAT CTAGATCAAA 720
 TGAAGAAAGA TTTCATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC 780
 45 AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT 840
 CGCTTGCCAT TGTCCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTTAGTTAAT GAATTGTTAA 900
 A1GTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG 960
 50 CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA 1020
 TGACTTTTAA TTAyTGTAAG AAGCGTGTTC GGAGTTATGA TAWGGATCGC ATGGACCAAG 1080

TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200
 TTGCACCAGA ACATTTACmA CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAnA 1260
 5 ACCCCGnGGT AACCAngTA 1279

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1144 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAAG TTTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180
 CGATTTGTCT ATAACCTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCTT 240
 25 AAAAACGTAAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTA AAATAAATTA rATATTCATG TTGACAATTT 360
 AAAAATGTCT CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420
 30 TCACTTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600
 35 CTGTCAGTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTCGATG 660
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGAACCTC TGGGATTAAA CTCGTAGAAG 720
 CATTCACCTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780
 40 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAA AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATTTtTyAGAm 1080
 50 GAYAGCCACA TGATTTCTGC tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTTGCTA TCTTAATGGG 1140
 GTTA 1144

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

```

10  ACAACCAATT TTAATAAACA TGGTrTCAT gCATTtTCAA TATTtTAGATG TCGACCGCAT      60
    AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTTA GCACATACGA ATATTtCTAG      120
    AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT      180
15  TCATACCACT TTGaCaATTC aaCATATTGA AAGTTtAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC      240
    CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATTtCATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA      300
20  AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA      360
    AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTtTAGTAA TTTCTTTACG TATGCCCACC TAAGCGAAtG      420
    CGTACATTGA CGTTAAGAAC AGTTGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC      480
25  AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATTtTATAAT      540
    GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT      600
    ATTTATATAG ATGTATTtCGA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT      660
30  CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAGTAA AAGTAGTTTA TAGCCAAACC      720
    GTTGcATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAaA AATCAAGATG TAACCAaATT AATTATCGGA      780
    CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTTT TTCAATACAC CTTTAATTGA CCATTtTAATG      840
35  TCCTTTGAAC ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGTTGAATTG      900
    AAAATGAACA AATCACCCtTA TCGTCCTAAA GGCAaACGTT TCGCCATAGA TATGTtAAAA      960
40  ATGATTTTGA TTCAAATAAT TTGTGTAATG ATGGGACTGT GGATTtATCA ACTTGATAAG      1020
    CATGAGTCTA GTACGATTAT TTTAATGATT TTTCTCATCG GCATCATTTT ATTATCCATT      1080
    TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGGCTTTTaG CAGCAATTAt TAACGTATTT GTgTkTAATT      1140
45  ATkTTTTtAC GGAACCTA                                     1158
  
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2224 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGCTAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGGAATAGTT	120
	ATTTTATTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAAT TTTAAAGCAT TTTATTTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
15	GTCGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAAAATTGT AAAAGAmTAT GAAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
20	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTTGA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACCGTGGAAC	720
25	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
	GTACTIONAAC CATCTGAAGA AACACCATTG GCAGCTGTTA TTTTAGCTGA GATTTTTGAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTTAAC CTTGTTAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTCTAAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACACG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAAAG AACAAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTCGGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTTATT	1380
45	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAWGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATTGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
50	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
	AAACAATCTG GTTTAGGTCTG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680

55

EP 0 786 519 A2

AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA 1800
 TTTTGTAATT AAAATAAAAA TTTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA 1860
 5 GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC 1920
 TAACTAAAAA ATAATGAAAT GGGTGTAAC TATATGCCTG AAAGAGAACG TACATCTCCT 1980
 CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAAAAA 2040
 10 GCTAAAACTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATn AAAAAGAACT TGTTCCTAGCT 2100
 ATTATGGAAG CACAAATGGA nAAAGATGGT AACTATTATA TGGAAGGTAT CTTAGATGAT 2160
 ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTnTAAGA ACAGTGAACCT ATTCTAAAGG GGAAAAAGAT 2220
 15 ATTT 2224

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1690 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT 60
 30 CTTAATTAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTTGATTTGT 120
 ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC 180
 TAATGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTCATTATT TTACACCTCG CTTGATTAGT 240
 35 TTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA 300
 GCAAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAAAT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA 360
 TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA 420
 40 TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAAATATTA 480
 GGAATAATAA TGTTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATTT 540
 AACATATTAT TATTCATyTC ATACAGTTGT GGTAAGACGA TAATCACAAC TATAGGTATG 600
 45 CAAAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAAkCCTA AACCAAGACC AGTAAATGG 660
 CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTCGGA TGATACCATC 720
 AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAACTTTT TATTTCTTAA ATAATAAATA 780
 50 GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT 840

55

AATGTAATAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA 960
 AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT 1020
 5 TTCATATGAT TCACCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAAT GATTAAAATG AATGCCATAA 1080
 ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAATT GTTAAAAATT 1140
 GTTCCTCTAT TGCCGTACCT ATATTTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTGTGAATCA 1200
 10 TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG 1260
 TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAAAGTAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCACTTGAGG 1320
 CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATTGCTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAATG 1380
 15 GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAAATAAC AAATTGAATG 1440
 ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCACGCCA TCATGACTTA ATAAACCTAT 1500
 AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCAATTAATAA 1560
 20 GATATTTTGA AATTTGGAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT 1620
 AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT 1680
 25 AGTAAAAATT 1690

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2112 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG 60
 TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCCAATG GATGGTTATT 120
 40 CTATTAGTGG TTATATAAAT AatGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG 180
 TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAATTTA 240
 ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT 300
 45 TGTTCAATTT GTGATGAAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA 360
 TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTTCT 420
 50 TACTTATTTA GTTAATTCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTGTGA CACTTTTAAT 480
 AGTGTAcCAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAAA 540

	TATTATTATG TTCAAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTAG	660
	TTGCTTAaCT TCGGaTATTG AACGCATCAG TCCAATTGTA CATAGAGCCT TTTTtagTTC	720
5	TTGATGTTTC TCTTTAAAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA	780
	AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTTGC GGTAGTGAGG	840
	GGATTTTTTAT TGGTGCGGCT ATATGTCACC TATTTTGTAT TCGTCTACT TAGCCAATAA	900
10	GAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC	960
	ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGSc TGAGaGrTAG GcGACTCTAC	1020
	TATTATATCA TCGGCAAATA TACAAGCACA GTCACTTGCT TCTGATAAGT TATATGATTc	1080
15	TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT	1140
	TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG	1200
	TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAAG CTAGGAATGA AATTATACGC	1260
20	GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAAAATGTA GGAAAATGGA	1320
	TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA	1380
25	AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA	1440
	AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA	1500
	TTCAGTATCA GCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT	1560
30	AAAAAGAAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA	1620
	TATTTTAAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTAAAAATC ATTTAAATGA	1680
	CAAGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTCGATCA TGAAAAATC TAGTTTCTGT	1740
35	TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAAACT AATGAAAAAC GAATTAAAAA	1800
	TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTCATTATC TTATAATTCA	1860
	GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CATTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT	1920
40	AACCAAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA	1980
	AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT	2040
	GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA	2100
45	GCTGCTTTAG GT	2112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 454 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5 GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCATATA TAGTGTAGAG 60
 TTATAGTCTC CTTCTTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC 120
 GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC 180
 10 GAACACTTAT TTGTATTTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTGAAAAA 240
 AATATTTTTT CTTGTGATAG ATCCGGATTT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT 300
 CTCATTTCTT TTTTAACTTT GATTTTCATT GTTATATCTC CTCTTGAACA GTAAATTTAT 360
 15 CGTTAAATGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC 420
 AACAGTTGCG TTCAACATCA TTTGAATAGA ATCT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1372 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

30 TTGTCAGAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC 60
 TTTTGACTTT TATTTATTTT TTTCCACTTA CCAGTATGAC TTTCTTTTTT TACAGTTATT 120
 TTCGGTTTGT TTAATAAATG ATAACCGATG TTTCTTTTGG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG 180
 35 ACTGAATTGT TTTCTTGATT ATCAGAATTG GTTGTTTTGT TATCGTCTGT ATATAACGTA 240
 TACCCATTCT CTTTGCGATT TTCAATCGTT GTAAGTGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT 300
 TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAATA TGAAATATGA TTTTGTGGCA 360
 40 GTTAAAGTTT TGTCTTGATT TTCAAAATCC ATTCCGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT 420
 TTTGTTCCGC CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA 480
 TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA 540
 45 TGATAGTGTT TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT 600
 TTTAAATTCT CTCCGTTGAT ACTTTTCATG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA 660
 CCAAATGCAA AGTCTAAGTC TTTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATATT 720
 50 TTAAGTTGTT GTGTTAATCC GTTTTGTAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCATT 780

55

ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTGTG AATCATCCAT GGCATCACTT 900
 AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTCACGA 960
 5 CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT 1020
 CCGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTTGTA TCATTTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT 1080
 TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA 1140
 10 GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAAATCC ATTACGTTC 1200
 TTACCAGTGG CAGAACTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT 1260
 TTCATCATAT CTTTATCTTC TCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT 1320
 15 ACTAnATTTC CGCCTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT 1372

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 20 (A) LENGTH: 564 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTTGTTC GTCTTATATA 60
 30 AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAAT AGCATTMTCC TATGTCATTT AACTAAACAT 120
 GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTTAAAT AGATGATTCT AGGAAAATGC TTTTTCCTTT 180
 TGACTTAGTT TAAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG 240
 35 CAGATTCTAT GCTATTAAAT GAAAACTGTT GCAATTTTGT AGTATTATTT AGTAATTGGT 300
 CGACCTTTTC AACCATTTGA TTGATGTCAC CTTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT 360
 CTTGaATCAG TTCTGaTGA CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG 420
 40 AAAGCGACTC TAAAATTGCT AAGCCAAAAC CTTCCATTTT ACTTGTCGAT AACATCAGTT 480
 CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA 540
 GATATnATGA TAATCTTCTA CAAG 564

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 50 (A) LENGTH: 1277 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

TATCCACCCC ACgAnAGCCC CGGAACTTA TTGTGTTACA AGATATATAA GCAGAAACGA 60
 5 ACAACAGTTA ACAAATAAA TGAAATTAAA CGTTTTAAAA ATGAAACAAA TGAAATCATC 120
 TATTAGGTTA TGAACTGTT TATAGCTTGA ATAGAAGCAT TTATTTTTTA GGAGGACAAAT 180
 TATTATGCGT CAAACATTTA TGGCAAATGA ATCAAACTT GAGCGCAAAT GGTATGTTAT 240
 10 CGATGCTGAA GGCCAAACAT TAGGTCGTTT ATCATCAGAA GTAGCATCTA TCTTACGCGG 300
 TAAAAATAAA GTAACCTTACA CACCACACGT TGATACTGGT GATTATGTAA TCGTTATTAA 360
 TGCATCAAAA ATCGAATTTA CTGGAACAA AGAACTGAC AAAGTTTACT ACCGTCACTC 420
 15 AAATCACCCA GGTGGTATCA AATCAATCAC TGCTGGTGAA TTAAGAAGAA CTAACCCAGA 480
 ACGTTTAATT GAAAACTCAA TTAAAGGTAT GTTACCAAGC ACTCGTTTAG GCGAAAAACA 540
 AGGTAAAAAA TTATTTGTAT ATGGTGGCGC TGAACATCCA CACGCTGCAC AACAACCAGA 600
 20 AAATACGAA TTACGTGGTT AATTAGAAGG AGGAAATGAC TTTGGCACAA GTTGAATATA 660
 GAGGCACAGG CCGTCGTAAA AACTCWGtAG CACGTGTACG TTTaGTACCa GGTGAAGGTA 720
 ACATCACAGT TAATAACCGT GACGTACGCG AATACTTACC ATTGGAATCA TTAATTTTAG 780
 25 ACTTAAACCA ACCATTTGAT GTAAGTAAa CTAAAGGTAA CTATGATGTT TTAGTTAACG 840
 TTCATGGTGG TgTTTCACTG GACAAGCTCA AGCTATCCGT CACGGAATCG CTCGTGCATT 900
 30 ATTAGAAGCA GATCCTGAAT ACAGAGGTTC TTTAAAACGC GCTGGATTAC TTAATCGTGA 960
 CCCACGTATG AAAGAACATA AAAAACCAGG TCTTAAAGCA GCTCGTCGTT CACCTCAATT 1020
 CTCAAAACGT TAATTGTCGG ACGATATATA CAAACACCT CGATATTATG TCGAGGTGTT 1080
 35 TTTTGGCGT TTTTGCGCG AATATGGAAT GTGTAGAATA TAAATGAATT TTTACCTTCC 1140
 CACCATAAAA GATGAAGAAC CATGAATGTG GAGAACAATA AATAGTTGGA TATTCTGTTA 1200
 TTTTTTTGGA AGTGAAGTG GATTTGGAAT ACTTTACTCn AAACGATTAA AAGGTTTAAA 1260
 40 AAAACAACAA AnAGAAA 1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 673 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:

5 TTATTGACAT TGTTTTTATC CAAAATTCAT TGTTAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA 120
 TnATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA 180
 10 AATCAAACAT TTTTAATATT TGTATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT 240
 GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTAAATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG 300
 ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC 360
 15 TACAAGGAAA AATTTGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AACTTGGTC CGACTTAAAT 420
 ATGAATGCAA TCTTTCATAA GATGAATTAT AATTIAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA 480
 TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTTCAATT ACGAACAAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT 540
 20 GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAAAC TATCATTTAG CTTTGATTGG tAAAACTGTT 600
 aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG kAAACGTCCA AATATATTGn TCTATGCCCC 660
 GTTTACCAGT ATC 673

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1240 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

AAAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA 60
 TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAAGATG GATTGTTAGT CATGTCGAAG GTGAAAACGA 120
 35 CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT 180
 TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTTAA 240
 TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT 300
 40 GCTTTTTGAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAAATGGTG GTGAAGGCGA 360
 TACAAGGTTA GAAATGTTTA AAAAGGGATT AGAACATTTT GGTTTAGAAT ATAAAATAAC 420
 GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC 480
 45 GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT 540
 GATTTGCGCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTGAG GAGAAaGAAAC ATTGGAACAC 600
 GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA 660
 50 GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGACTGAC CAAGAAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG 720

55

TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAAATCTAC CAAACTAGGT 840
 TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT 900
 5 GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAAGTT 960
 AATACTGCAG CTAECTATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA 1020
 GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTTGATG 1080
 10 AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAAC TGTGACTACA 1140
 TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATa GATaAATCmA ACATTAAaGA TGTAAAAmCG 1200
 aTTGGAACGa TTGGCGATtC TGTAGCTAGA GGATCACATG 1240

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

25 ACGGTGGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTAA ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA 60
 ATGATCAAaC AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAAACTTC GTAAAAGATG 120
 30 AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG 180
 ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG 240
 TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA 300
 35 TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG 360
 CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCAGT 420
 CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTGTAGAT GACGAGGATT 480
 40 TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT 540
 CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACCAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTC ACTGAAAAAG 600
 ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTC 660
 45 AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTAAAG GAATACTTAA 720
 CAAGTAATTC AAACCTCAAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTAT 780
 ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAAA 840
 50 AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTAAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG 900

EP 0 786 519 A2

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAAATCAT 1020
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080
5 GTTGTACAAA AAAATTTACA TGTATTTTGA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTTAAATTA 1140
TAAATGAaAC ATGCATGAAT TTATTTTTTA ATACAAGAAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200
ACAAATATGAA GAAAAGTAAA CGATTAGAAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTTTCATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1761 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACCTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTGGGC 60
25 TAATTTATTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTAG TACTATAAAA 120
ATCAAACCAT TTTGCCGTAT CTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCATT TT GAGAGCGCTT 180
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240
30 TTCACGACTA TGCGCTTGGA AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300
AACTTTTGTT TTAATGAATT CTTCGTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATC TATTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420
35 CATGCTATTC ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCTT TTAAATACGC 480
AGCATCAGCT TTTAAGTAAT GCGTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTGTCAGCTT GGTACAATTT 600
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AAACACTTC CAACATGAAA 660
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTTCTACGT 720
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATTG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTTCAACAT 840
TTTCAATTAT TGTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAATTCC CCGATATATT CCAATCTAAA 960
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020

TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140
 ATTGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGrTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200
 5 TCACGTTGrG CAATTTGTTT TAGATGAGCa TTCACATTTA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260
 TTTGATyCAG TTGGTGTTC AGTAACCTGT GAATTGTTTG ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320
 TGAGTTTGAG CATTTTGTGG TGCTTCAACT TCTTGTGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380
 10 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTTGTGCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440
 CCTGTTGCAT GGTAATTCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500
 CCTTCATAGT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTTTTTG ATTTAATGTT 1560
 15 TGATCATTTG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTTAA ACCTACTGGC nAAAnGATGAT 1680
 GCGAGTAATG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCCTACA AGTGAATTTG TGTCTCTAAA 1740
 20 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1761

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 794 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

TCATTTATGA AAAATGTCGG AnAGAnCCaA GaAAmaCAAT TGAgCGTGAA GAAAAAGCAA 60
 35 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAAATAAAA GATGTGAGTG 120
 ATTTTACGGA AGTGCCTCAA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGACTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCGA 240
 40 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300
 ACAGTGTGTA AAGTGAAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420
 45 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTACTAGAGA ATACATTAAG AGATTTTGGG GTAAATGCAA 480
 AAGTGACACA AATTAAAATT GGTCTGCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540
 GGGTTAAAGT GAGTAAAATT GTAAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600
 50 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

55

ATAAACTAGA AGTTGGATTA GGaAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780

ATGAAATGCC ACAC 794

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1161 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

AGCCAGTTTT GcATTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60
 AGAAATTTAT TCTTCTTTTT CTTTTCAGCA GTTATCATTC CTAATTGTCC TTTCTTTTTA 120
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTGT AACGTTTTGA 180
 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTTGAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTTCA 240
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300
 TTTCTCCACC TATTTTTACA TTGTTTTTTA CATTTTCCAA TATTTCAAGC TGTAATTCAA 360
 CTAGTGACTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATT 420
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GTATCTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480
 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATTTTTTT ATATTAAAT 540
 TAATTAAGTC TATTTTGIGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATT 600
 AAACCTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660
 CATGTCGGTC TACATTCATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720
 CGAATCCATC TTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840
 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTTGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900
 ACTGTAAAT TTTTTAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATTC TTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAT 1020
 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTTCAACTG CTTCAATTAAT AATGGCATGA TTTGGAACCT 1140
 TATCTAnATA nACATATTGA T 1161

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

55

(A) LENGTH: 1504 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTAAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGAAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCCTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACATTT AAATCCCATG AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTTCACATA	300
	ACACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTTAT CATTGCTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAAT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGGTTT	540
25	TTGCGAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTGGGA GTTTTTCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
30	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
	ACTTTCTTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTTAA AACAGATTTC ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAAAT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAAATTAG ATATCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAAC CATTAGTCC	1140
45	AAGGGAACCT GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
	ACCAAGTGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGac	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTtCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAATTAGA	1440
	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1623 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

```

ATTGAAAGCG ATAATTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT      60
ATAAAAGATA CATAGAYTGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTAAaATA      120
aTGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA      180
CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT      240
ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT      300
TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGGAAAGACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT      360
TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAACTG ATTATCTTGA TTTATTCTTA ATACATTGGC      420
CTTGTGAAGC AGATGGTCTA TTTTtagAAA CATATAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC      480
AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA      540
TGGCTCAATC AAGTATCAAA CCAATGGTGA ATCAAATTGA GGTACATCCA TATTTTAACC      600
AACAAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGACTGCA TGGATGCCTT      660
TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC      720
ATAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC      780
CAAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTTAG      840
AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTAaaaaATC      900
CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT      960
GCCTTTTAAT GTGTACATTA AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTTGAT AAAACAATAC     1020
TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAAATAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT     1080
CATTCTTGT TTTAATGAAG GGGAAGTCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT     1140
ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG     1200
TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG     1260
CTTTATTCT TTTAGTAGAA ATTTTGAAAA AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA     1320
TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA     1380

```

TAGAAGTGGT GAAAATTTTA GTCGCAAAAC ATTAAGCCAT TTGTATTATA AGTTAGTTAA 1500
 TTGCTTTGTA GAAGAAGTAC AATTTGATGA TGGTGTGGT GATTTTAGAC TTTTAAGCCA 1560
 5 AAGAGCTGTT AAATCCATTG CATCACTTGA AGAATATAAT CGnTTTCAA AAnGGnTATT 1620
 TGA 1623

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 500:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 605 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 500:

20 AAAGTnGGTG AAnCTATATA CTTAATCTAT ATTTATATAT TAACCATTAG GGTfAAAAAT 60
 TACTCTAGCA TTTATGAATA GATGGGAGTT TATTTTATTA TTATATAGGA GAGATGTTGA 120
 ATGACACATC GCGCACTATT AGTTGTTGAC TATTCATATG ACTTTATCGC AGACGACGGC 180
 25 TTACTAACAT GCGGTAAACC TGGACAAAAT ATTGAAGATT TTATTGTTTC TCGTATCAAT 240
 GACTTTAATT ATTATCAAGA CCATATATTC TTTTTrTGG ATTTACATTA TTTACATGAC 300
 ATTCATCATC CTGAAAGTAA ATTATTCCCA CCACACAATA TCGTAGATAC AAGTGGTAGA 360
 30 GAATTATACG GTAAAGTAGG TAAATTATAC GAAACAATTA AAGCGCAACC TAATGTACAT 420
 TTCATTGATA AAACGCGCTA TGATTCGTTT TTTGGTACCC CGCTTGATAG TTTATTGAGa 480
 GAAAGAAGTA TTAATCAAGT CGAAATCGTT GGTGTATGTA CCGATATTTG CGTGTTACAT 540
 35 ACAGCAATTT CTGCATACAA CTTAGGtTAT AAAATTTcAG TACCTGCTGA GGGAGTGGCT 600
 CATTT 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 501:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1739 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 501:

50 TAGGTTnAAA GCATAGnTTT nTCAAAAAGA CAAATCATTC ATATATTGGA GGATATTTTG 60
 GTGTAAGATA TAGTGCAACC ACAATTGCTA AAGACTTGAA GGAActAAAT ATATATCGTG 120

TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT 240
 CATACTTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC 300
 5 AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGAAA TGACACTACA TTAATCTTAA 360
 CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA 420
 AATGAATAAT AAAAAATTTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAAC 480
 10 TTGTGTACGC GTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA 540
 AAACTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA 600
 AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA 660
 15 AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC 720
 TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA 780
 20 AATAGCGAAA TTGGAGCTTT AAAAACTGTG TTAATAAGC GTCCTGGAAA AGAATTAGAA 840
 AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA 900
 GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT 960
 25 TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT 1020
 GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGGTC ATGAAGAAGA AATTAAGGCA 1080
 TTATTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG 1140
 30 GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC 1200
 TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC 1260
 GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA 1320
 35 TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTAAA GATGCGAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA 1380
 GATTGCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACTTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT 1440
 40 ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTT 1500
 GAAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATTCCAAC TAGTCGAACT 1560
 TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTAC AATGCATTCA 1620
 45 GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CAAATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT 1680
 AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTCnT TAAAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG 1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1745 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
10	AACCTATAAA TGAATAATTA GTACTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTTATT CATTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
15	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTTAAGAAC ACAGACATGA ATTTTCATCAA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTTCATGC TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGGTAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCTAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATT TCTTTCAATA AATTAAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAAaGAAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAAATCCAA ATTGCAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
	CCGCTTCCTG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
35	CCTTCTTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCATACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTTATTA	1200
	CACTTGGTGA AGGTCTAACA GATTGTTCG AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAATATATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCTT ACAACTGGCA ATCATTTCCA AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGCTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTAGGTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTTCTG GTTTCTCTTT TTCGTAAGTT TTCTTTAAGT	1620

55

TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740
GAACG 1745

5

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

10

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1035 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCTTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTACCATT TTTGTCATCT 60
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120
20 ATTACGGCAC CAATTAAAAT ACCAGGAACA AATTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180
TTCAAATTTG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240
TCGTATACAC CTTCAAAATT ATTCTGTAG TATGGATCTG GTACATCACT CTCTTCCATA 300
25 TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCCTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTTGT TGAGAAATTTT TTGTGTACCT 480
30 TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCAGTACCTC TTGAATGTAC TTAAATATCA 540
TGAATATTTT TGTCTTTAAG TCTTTGTCGC ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660
35 ATATCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCTATTA 720
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAACTATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780
40 TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840
ATTATTAGAT CCTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900
TTTTGkTCaA yCAAGAGaAA GATTGTCGCC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960
45 AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTTGAATA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020
CAATACGCTG AACTA 1035

50

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

55

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1284 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

5	AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACaA	60
	CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTAA CCATATTACA AATTGTGTG	120
	TATTATAGCC ATTTCCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT	180
10	CAAGATTAGC AAtCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA	240
	CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCAACCTAG AACTTTTTCA GTTAATCTAC	300
	TTACTGGACG TTTAATTGTA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT	360
15	ACTTATCCCG TTATTTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTTATG ATTTTATTTT	420
	AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTCA TTGTATTCAC TTAAACTTC AGGTCCTAAA	480
20	TCTTTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAAACG ATGGTCGTCT	540
	TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT	600
	TCTGTATTTT GCTTGTTATT TTTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAATT ATATGCACCC	660
25	TCTTTATTTT GTGCCGTTTT TGGAAATACC ATATTGTCGA ACCATAAATT CGATCCTTCT	720
	TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCTT TCTTGCACTA GAGGTGCTGC AACACCACTC	780
	CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGTAATTC ATCACCTACG	840
30	ACACCTCTTA CTTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTT TAAATGGTGC	900
	GAATTACGGT CATTAGATT ATACCCAAGT TTATTCAAAC TCATGCCTAT AATCTCTCTA	960
	GCACCGTCAA CTAGTAAAAT TTGGTTTTTA AATTTAGGAT TATACAATGA CTTCCAATA	1020
35	TCAAATGATT CATTTGGATA CTTTCTTTA TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA	1080
	TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAA	1140
40	TTTTTAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT	1200
	TTTTGAACTG nATATTCaCT AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT	1260
	TTGGnGTCCA nCGCTTCATT TGAA	1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 5763 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	ATAATTAACA TCTTTTGCTA TATACCACCA GTTTGATACA TAAAATATCG CAGCAATAAT	60
	ATCATGTTTA ACCCTAATGA TATTATCTGA TTTTAATAAT AAGGTTGCTG TCCCTACAAC	120
5	CATTAATAAA ACTATGACTG CTGGTAATAA ACGTTTTAAA CGACGTATCC AAAAGCTTTT	180
	CAATTTAATG ATACCTGTGT CATCATACTC TTTGAGTAAT AAGCTTGTA TTAATAAACC	240
10	AGAGATCACA AAAAATGTAT CCACACCTAA AAAGCCACCT GtCAACCATT GCTTATTTAA	300
	GTGGTAAATA ATAATTCCTA GAACAGCGaT TGCCCTCAAA CCATCGAGCC CTGGAATATA	360
	TCTCATTTTC TTATACTTTG TAAAACCCTT TGTTTTGTTT ATTTTTCAT TCTTCCCTTT	420
15	TAAAACGTGTT CTTCTTAGAT GCTTAATTAA ATTTAGTTAT GCTGTTTAA AGAATATTGA	480
	AATGCATATG TATATTATTG AATTACGACA TCATCAAAAT CATATTGACT AAAATACTGT	540
	TAAATTAAAA AAATTACCAA TGATGATTCT TACTTCGAAA TCCAATTTGT AATGCAACTC	600
20	GGCAACTTAA AACTATGAA GTATTATGTA TTGTAATATA ACTGTAATAT AAATTCAATT	660
	TATTATAAAA ATTTTCAAGA AAATATTCAA CTAGAAAATG AATTGTGCAC TCTTGGAAGT	720
	GCAAGTCACT GTCTTAATTC ATATTTTTTG AAACAAGTTA GATATAAATT TTCAAAATAA	780
25	AATCAGAAAC TAGAACATAA ATAAGGCTCC CTTCAAAATT TTCATTTTTT AATGTCTACT	840
	TTGAAGGGAG CTTATTCACA ATGAATTATA CTCTACAATG TTATATTGAC TGCGGGCCCA	900
30	AACACAGAGA ATTTGAAAA GAAATTCTAC AGGCAATGCA AGTTTATGTT AGCTCACACC	960
	AAGTGCAATC TTAGCGTAAC GTGACATCAT ATCTTTTGTC CAAGGTGGAC TCCATACGAT	1020
	ATTCACTTCA GTATCCTGAA TTTCAGGAAT CTCTGCTAAT ACTGTTTTAA CTTGaTCAAT	1080
35	AATTTGAGGT CCCATTGGAC ATCCCATGTA TGTAAAGTC ATATCAACTG TACATACGCC	1140
	TTCATCATCA ACATTCACTT TGTATACTAA ACCCAAATTA ACGATATCAA TTCCTAATTC	1200
	AGGGTCAATT ACCATTTCTA ATGCACCTAA GATACTATCT TTCAATGCCT CTTCCATCCA	1260
40	TATCACCTCT TTAATGTCAT ATTATTCATA ATATATCAAA TATCCGACAA AACGCCAATA	1320
	AAATGCTATG ATGTATCTAT ATGAACCTAAG CAACTTATGA GGAGAGAGAT ATGCAACCAC	1380
	ATTTAATATG TCTAGACTTA GACGGAACAT TATTAAACGA TAACAAAGAA ATTTTCATCAT	1440
45	ATACTAAACA AGTATTAAAT GAATTACAAC AACGTGGaCA CCAAATTATG ATTGCGACTG	1500
	GCAGACCTTA TCGTGCAAGT CAAATGTATT ATCATGAATT AAATTTAACG ACACCAATTG	1560
50	TTAATTTTAA TGGCGCTTAC GTACATCACC CTAAAGATAA AAACCTTCAA ACTTGCCATG	1620
	AAATTTTAGA TTTAGGCATC GCACAAAACA TTATTCAAGG ATTACAACAA TATCAAGTAT	1680
	CGAATATTAT AGCAGAAGTG AAAGATTATG TTTTCATTAA CAATCATGAT CCAAGATTAT	1740
55		

	AAGAATCCCC TACCTCAATT TTAATTGAAG CCGAAGAAAAG TAAAATACCT GAAATCAAAA	1860
	ATATGCTTAC TCATTTTAT GCCGATCATA TTGAGCATCG ACGCTGGGGC GCACCATTCC	1920
5	CTGTCATTGA AATTGTAAAA CTTGGTATTA ATAAAGCAAG AGGCATTGAG CAAGTTAGAC	1980
	AATTTTAAAA TATTGACCGA AATAATATTA TTGCATTCCG TGATGAAGAT AATGATATTG	2040
10	AAATGATTGA GTACGCGCGT CACGGTGTG CTATGGAAAA TGGTTTGCAA GAACTTAAAG	2100
	ATGTAGCGAA CAATATTACA TTCAACAATA ATGAAGATGG CATTGGTCGA TATTTGAATG	2160
	ATTTCTTTAA TTTAAATATT AGATATTACT GTTAATTTAT AACTAATCAT TTTATAATAT	2220
15	TTTAAACAA TAGGAGGTAA GTTACGATGC CCAAATAGT CGTAGTCGGA GCAGTCGCTG	2280
	GCGGTGCAAC ATGTGCCAGC CAAATTCGAC GTTTAGATAA AGAAAGTGAC ATTATTATTT	2340
	TTGAAAAAGA TCGTGATATG AGCTTTGCTA ATTGTGCATT GCCTTATGTC ATTGGCGAaG	2400
20	TTGTTGAAGA TAGAAGATAT GCTTTAGCGT ATACACCTGA AAAATTTTAT GATAGAAAGC	2460
	AAATTACAGT AAAAAGTTAT CATGAAGTTA TTGCAATCAA TGATGAAAGA CAAACTGTAT	2520
	CTGTATTAAA TAGAAAGACA AACGAACAAT TTGAAGAATC TTACGATAAA CTCATTTTAA	2580
25	GCCCTGGTGC AAGTGCAAAT AGCCTTGGCT TTGAAAGTGA TATTACATTT ACACCTAGAA	2640
	ATTTAGAAGA CACTGATGCT ATCGATCAAT TCATCAAAGC AAATCAAGTT GATAAAGTAT	2700
30	TGGTTGTAGG TGCAGGTTAT GTTTCATTAG AAGTCTTGA AAATCTTTAT GAACGTGGTT	2760
	TACACCCTAC TTTAATTCAT CGATCTGATA AGATAAATAA ATTAATGGAT GCCGACATGA	2820
	ATCAACCTAT ACTTGATGAA TTAGATAAGC GGGAGATTCC ATACCGTTTA AATGAGGAAA	2880
35	TTAATGCTAT CAATGGAAAT GAAATTACAT TTAAATCAGG AAAAGTTGAA CATTACGATA	2940
	TGATTATTGA AGGTGTCGGT ACTCACCCCA ATTCAAAATT TATCGAAAGT TCAAATATCA	3000
	AACTTGATCG AAAAGGTTTC ATACCGGTAA ACGATAAATT TGAAACAAAT GTTCCAAACA	3060
40	TTTATGCAAT AGGCGATATT GCAACATCAC ATTATCGACA TGTCGATCTA CCGGCTAGTG	3120
	TTCCCTTAGC TTGGGGCGCT CACCGTGCAG CAAGTATTGT TGCCGAACAA ATTGCTGGAA	3180
	ATGACACTAT TGAATTCAAA GGCTTCTTAG GCAACAATAT TGTGAAGTTC TTTGATTATA	3240
45	CATTGCGAG TGTCGGCGTT AAACCAAACG AACTAAAGCA ATTTGACTAT AAAATGGTAG	3300
	AAGTCACTCA AGGTGCACAC GCGAATTATT ACCCAGGAAA TTCCCTTTA CACTTAAGAG	3360
	TATATTATGA CACTTCAAAC CGTCAGATT TAAGAGCAGC TGCAAGTAGGA AAAGAAGGTG	3420
50	CAGATAACG TATTGATGTA CTATCGATGG CAATGATGAA CCAGCTAACT GTAGATGAGT	3480
	TAACTGAGTT TGAAGTGGCT TATGCACCAC CATATAGCCA CCCTAAAGAT TTAATCAATA	3540
55		

	GTTAGAATTA TGTTGGACTG GTACTACTAT CCAGTCCATT TTTTATGTTT AACATTTTTA	3660
	GAATCAAAAA AGACATAAGG TCTTGGACTA ATAATGTGCC ATGCCTTATG TCATATACTA	3720
5	TATGTCTTAT CAATTAGCCA ATACCGAATA ATTTTGATAT AGGSCCTAAC GGTAGAATGA	3780
	CACCTAATAC CATTGTGATG ATAATTAATG CAATTGTTAT CCAAAACATT GTGTGACTTT	3840
10	GTTTCATGTCT CTTTCTTTTA GCAATCGACA CTTCCATCAA TCCAACCTACT GCAACACCAC	3900
	ACAGCATTTT CAATGTAAGC AACATATGAT TTGCCCCGCC ATTCATAAAT GACTGAATTA	3960
	ATATCCAAAA TCCTGAAATT AACGTCAACA GCATAAATAA GCGTAAAATC ATGTGCAACG	4020
15	GTTTGAAAAA TGGTGATCTG CCTTGATTTT TTGAAATGTT TAAGTATGTA GCGATAAATA	4080
	AAATAATCGC TAATACCCAA CTTAATATAT GTAAATGTAA CATACTGATT CCCCCACTT	4140
	TAATTATTTA TATTATTAAA TTAAAGCTTC TTGGGATTAA TACCCACTTG CTGTGAATTT	4200
20	AATCATGATT TGATTATACA CGAATATATA TTCTACCACA CTTCTATATT TGAGAGGAAG	4260
	AACATGACAT TTTATTCCTT ATTAGAATAT TGTGAATCTG CTGTAAAATA ATCAACTACT	4320
	TCTTAATATC AATATTTTAC TTTCATCTCA AAATGGTAAC ATTATAAATA ATTTATCTTT	4380
25	AACACCTTTT TAGAAAAGCA AGAAAAAAT AACCAATCTA TATAAAGACT GGTTAGCTTT	4440
	TTAAATGATA ATTATTTAGC GATATAAGTT GTCAGCGTTC CAATATTATC AATAGTCACT	4500
30	TTAACTTCAT CACCTGGITG TAAAAATTTA GGTGGTTGCA TACCTGCACC AACGCCTGCT	4560
	GGTGTACCAG TTGCAATAAT ATCTCCCGGA TGTAGTGCAA CATATTTTGA AATTTCTTCT	4620
	ATTAATTCAT CAATTTTAAG AATCATTTCG CCAGTGTTAC CATCTGTCT AATTTCAATTG	4680
35	TTAACTTTTG TAACAATATT TACATTTTCA GGTAATGGTA GTTCGTCTTT AGTAACGATA	4740
	TAAGGACCCA TTGGGCAACC GCCAGTTAAA CTTTTTGATA AAAATGCTTG ATCTTGTTCA	4800
	CTTTGTGCTT TGCGATCACT GATATCGTTA ATAATTGTAT AGCCGTAAAC ATAATCTAAA	4860
40	GCTAATGCTT TTGGAATCTT TTCACCAGAC TTACCAATAA CAATACCTAA TTCACCTTCA	4920
	TAATCTAATT GATCAGTAAT ATCTTTATGA TTTGGAATTG TTGCATTATC TCCTGTAAAA	4980
	GATGACGCTG CTTTTGTAAA TACATATAAT TTTTCCACTT CATGATTTAA TTCGTTTCGA	5040
45	TGATCTTTGT AATTTCTACC AAAAGCAATC ACATTATTCG GAGGTGTTAC TGGTGGTAAA	5100
	AATTCAATGT CATTAAATGA AATTTATAG TCTTCAGCTT TGCCGCTATC TTCTGCTGCT	5160
50	ACAACTGCTT TACGTACTTG TTCTTGAAAA TCTAAAGTAT GATTTTGTTG TAAACCAGCT	5220
	AACAATGTTT TAGGATGGAA ATCTCCTTCT GCAAAGTCAG CAAATACTTG TGTTAAATCC	5280
55	CATACAGCAT CTTGCGGTTT TACTTTAACG CCATATGAAG TTTTGTCAAT ATACTTGAAT	5340

TTCGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTTCATTC 5460
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAAA TTTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAAGA 5580
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTAATTGT 5640
 10 GTACCAATTT CTTTCATCTGT CATCCCACGG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700
 ACAAAATAAT GCACACCATC TTAAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760
 ACG 5763

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 422 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

25 CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTC TTTCTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60
 CTTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGTATTTT 120
 TAGTTGTTAA CACTAAAATT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTTAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300
 CGTTTAACAA TATAAAATCA GCaATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAGTAG 360
 35 TTGTATTAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GTkTATTAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420
 AT 422

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1188 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

50 GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60
 ATTTGATGAT GACGATCAAA GAAACGGTAG TGAAATAATT CGGTTTGACA AAACGCGTAT 120

55

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACCTAT 240
 TTTACTAACA CCATTATTTT CAACTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300
 5 AAATATTTGG TTAAATATGC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAATAA ATCGTAAATG 360
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420
 10 GCATCAATAT AACAAATCCA TTTTCTACTA TTACATGGTA GATAAACAAT CTCGCATGAT 480
 ATCAAAAAAT CCCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAAGCC ACATTGAATG TGTTTGAAGC 540
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATTGTT TATTTTTAAA ATATGCGGAA 600
 15 TGTTTTATAA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTTTTT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660
 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTTGTGCT TGaTATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTT GAGTCCTACC 780
 20 TGTGGAGCCA TTGGAAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCCTGCT AAGGtGTAGG 840
 TCGCGAAAgC CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900
 CCATTTTAnC TTTTTTGTTT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960
 25 TCAATTTTAA AATTCATAAA ACCTTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTTTATAC 1020
 TTGTTGAACT TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGGaT CTCTTAACTT CTCTGCaATT AATGtACTCA 1140
 30 TTGgTTTCAT CGIATGATTC ATGTATAATA GCATTtkTTA AATAATTC 1188

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 840 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTTCG AGGTGGAAGC 60
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120
 TTGCGAACAA AAtCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAATT ACATTCATAT 180
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTACACACC TGTTCCTATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360

55

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGgA GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480
 TGT TTT TTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTTCG AATCCCTTAC CTTCCGTAAA 600
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTTTGGA CTATCCCTTG 660
 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720
 10 TAAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTGgTGAAT AATCCTAATT TTAGtCACAA 780
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1373 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:

25 TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTT CTTGGTAAAA ATCGTTTTTAA CGCCATGATA 60
 CATGTATTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120
 TGAAATAACT GCAATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCATTCTAG CTTCTTCTAA 180
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240
 GATTAAGTAA CGTTCTTTCA TTATATTTCT CCAACATCAT GTCTTTTTTCG AAATACTTCG 300
 TACATCATTA AACTTGCTGC AACCGAAGCA TTCAAAGTGT TTACATGTCC AACCATTGGA 360
 35 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTT TATAATCTGT TGCATTATTA 480
 40 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540
 TTTGTCACTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600
 TGC GTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720
 GTCAATAAAC CTTCTTTTTT TTTTGTCTGT TTTAAAAATT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCCTGA TGTGGTGCAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840
 50 GATTTTGGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTTTCATTA 900
 ATTTGTTGCT TTTTAATACC TTCTGAATC AATATCTTAT TTAYCGGATG CCCAGTAATA 960

TTCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTTAA TAATGCCTCT AATCGTTCTT CTCTTTTTTC 1080
TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CkCTGAACTT TTACGATATG TTTGAACATC 1140
5 AGTGTTTTTA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTC 1200
TTCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260
10 AGATACATAT TTTTtagACA TTTGATGTAG TTTATTAGGC TTACTTTTAA GCTTTAAAC 1320
GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TGCCTCnCCC ATATATGCTA AGG 1373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 717 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60
25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAAAAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120
AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAAACAAT CGACGAAGTT 180
AACACAAAAG CATTGGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240
30 GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGGTT ACGTCGTATA CTTCTTCGAA 300
CTTGCTTG TG CAATGAGTGG ATACCAATTA GCGGTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360
35 GAAGCATATA AACAAAACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420
AAAGrATTAG rAGAACGTTT ATAAAATACA TTACTTCAAA GATTAGTGAA GTTTGAAAAG 480
ATAGAACTAG ACGTTAACTA TTTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540
40 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTTATAT GCAAGAACTA GGTTACTAGC TAaTGTGACA 600
AGATGTTAAG AGAAAATTAA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660
ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2700 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

	AATCTAATTT TTCCTCCTAA TCTCGGATTG GATAGTGGTC AATTTTCTG GCCCGCCATT	60
	TTAGCGTTTG TTCTAACTGG GATTGGTTTA CCATTATTAG GTGTGATTGT AGGTGCACTT	120
5	GATAAAGAAG GATATATTGG CGCATTAAAT AAAATTCAC CTAAATTTTC AATATTGTTC	180
	TTAATCATCA TTTATTTGAC TATAGGACCA CTTTTTGCAA TACCTAGAAC TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAG TGACAATTAC ACCAATTATA CATAGCAATA GTAGTATCGC TTTATTTATA	300
	TTTACGATTA TCTACTTCAT AGTCGTTTTG TATATTGTGTT TAAATCCATC TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG GTTCATTATT AACACCATTA TTATTGATTA CTATTTTAGC GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT TAGACTTTAG CGGTAATAGT GCTGGAAAGG GCAATGAAGC ACTATATCAT	480
	TCTAATTTTT CAAGTTTTGC TGAAGGCTTT ACACAAGGCT ATTAAACAAT GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG CTTTTTCAAT GATTGTTGTT AATGCAGTAA AACTAACAGG CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA TATTCAAACA AACTTTGACT GCTGGTTTAA TTGCAGCCGT AGCTTTAATT	660
	TTCATATATA TTTTATTAGG TTATATTGGT AATCATATGC CAGTAAGTGA CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA AATCCAAAGA TCGAAACATT GGGACATATT TATTAACGAC AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG GTTCATTTCG AAAATATTTA TTGGGCATCA TTGTGGCGCT GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT GCGGGCTTAT TGTTGCAGTT TCTGAATATT TCCATAGAAT CGTACCTAAA	900
30	GTATCATACA AAGCATTGTG ATTAGTTTTC ATTTTAATGA GTTTTATTAT TGCTAACCAA	960
	GGTTTAAATG CTGTTATCTC AATGTCAATT CCGGTATTAA GCATTGTATA CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTTG TATTATTAAT TTTAATTGCC AAATTCATAC CGACAAAACG CATTTCACAA	1080
35	CAAATTCAG TTATTATCGT ATTTATATTG TCGATTTTCA GTGTTATTAG TAAGTTAGGT	1140
	TGGcTGAAAA TTAACCTTTAT AGAATCATTG CCTCTAAGAG CGTATTCTTT AGAGTGGkTC	1200
	CCAGTAGCAA TTATTGCAAC GATATTAGGC TATCTAGTCG GCATATTTGT AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT ATCAACAGGA ATAACGAATA ATATAAAAGA GGTGGGACA TAAATCCCTA	1320
	AAAAAACAGC AGTAAGATAA TTTTCAATTA GAAAATATCT TACTGCTGTT CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC GTATTGAATG GCTTCGCTTT CCTAGGGTGC CGTCTCAGCC TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG CTCCCTCAGG AGTCTCGCCA TTAATACTAC GTATTAACGT GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC TTTAAAAAAA TAAGACACTT TGCCCAACTT GCACATAAAT GTAAAATTCA	1560
50	ATAAAATAAA TTTTCTGTGT TGGATCCCTT CGTATAATTT AATAAATACT ACTAACTAA	1620
	ATTAACGAGG TGCCTTATGT ATAAAAATTA TAACATGACC CAACTTACAC TACCAATAGA	1680
	AACTTCTGTT AGAATTCCTC AAAATGATAA TACGCGATAT GTTAATGAAA TTGTTGAAAC	1740

55

AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG 1860
 TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA 1920
 5 TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GyCCAAATTA ATCAAAAGCT 1980
 TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAAAGAAAA ATTGATGTAG AGCCTGTTTT 2040
 10 TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT 2100
 TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG 2160
 AGCTGTACAT TATAAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTT TATCAATAA TTAATAGAAA 2220
 15 TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTAA TGTCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA 2280
 TTGTAAACCT TGTCTTCTT GGTATTGTT TTCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA 2340
 CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTAACT TCAACTACAT CTAAACCAGT 2400
 20 AATATATTTA ACTTGTTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATTT TTGGTGCTGA 2460
 TTCACCATAT TCTAAGATTA CTTTTAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTAC CAACTTCAAC 2520
 AGATACACCT TGAGTAACAT TGTTGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA 2580
 25 GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTTAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC 2640
 AACAACTTCA TCAGAGAATG TTAATTGnT TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TThGTTChTG 2700

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1135 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:

40 ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTAaA ATaATAATcG AGTTaGAGTA 60
 GCCTAAGCGA yCACCCtAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCTTT AGACATTGAA 120
 GCCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAA AATCATCACG 180
 45 GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAA ATATTTGCAT AGCTAATTGT 240
 GATAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAAA CATATGCTAA ACCAACGATA 300
 CCAACTAATA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTTAC AGCATTTTTTA 360
 50 GCACTTGGCT CTCTAAAATT GGTtACCGCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT 420
 GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATAsC AAGAATAATG TTACTCCAGG AACCGCAGTT 480

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600
 GATTCAGTTA AACCACGTAA ATTAAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAW ACATGCAATC 660
 5 AGTrCKTTAT GCCCATATAA ACTTGGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720
 ATmCTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780
 10 CATTTTTCTC CTAAATTGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840
 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAA GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAAT CAGTATTTGT 960
 15 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCCTTTAAAC 1020
 TTCGATATCT TTTCGTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTTAG GTTGCCCTAT AATAAGtCTT 1080
 TTAAATTGAT kGAcATAAtC TCCTATTCTT TTTTATAGTT TThGATGGAA ATCAC 1135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 918 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

30 TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTTATGT GGCAAAAACG 60
 TTGAATTTAA GCCATTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120
 35 CACATTTTAT TCAGATTTTT TATCGCGCTC CATTAATCT TTTACGCATT CTTTACTGA 180
 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CATTTTTTTC 240
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCATTTT 300
 40 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTTA TATCCTAATG TGAAATTCCG 360
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTCACCTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480
 45 TAATGCAGCT TTTGCATTAT CACCGTAGCC AATTCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGACAC 600
 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660
 50 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAACCTCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780

CAGCTTATCA TTAATTTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900
GTAAATATCT GCAAATTG 918

5

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 587 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

15

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTTATATG GGTTTGTATC ATTACATTAA 60
 TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATTA CACCAAATGT AATGGGTAAA TCTTTAAGTA 120
 20 TCCATCCTTT AACAAATTATC GTTGTATTAT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180
 TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAC GGTGTAGT AATATTTTCA 240
 AATACCGCCA ACGCAATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300
 25 GTCTTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCGA 360
 TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCMAATG AAATAICAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420
 TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480
 30 GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540
 TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 812 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

45

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60
 TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120
 TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAATGA 180
 50 TATTGTGTGC TCTCGCTTTA ATTTGTGTTA TAGTTTTTTA TTTTAACTTA AATAGAAAGC 240
 TTAAGTTAAA AGTGTGTTGAT ACAAATATTG AAAAAAATAA GAGAGTTATA TAAAwACCAA 300

55

TTTCATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATTT ATTTATTGGA 420
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540
 CTTTTAAGAC GCTAGTAGAA TTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600
 10 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660
 CCAAATATAG AATTATCAAA TACAAAGATG AATATTTGAT GATTGATTTA GTAAGTACAT 720
 GGTTAGCACT CTTTTTCCCA ATGATTAATT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAAATCA 780
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAAACT TTAAACATTG TG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 526 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAATGGAT TTTTCGTAAAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60
 TCTCAATAAC TTTTAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120
 30 CACTTTGTAA TAACTTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATT AATTACCAA 180
 TTAATATATC AATTAACGTT GACTTTCCAG CACCATTTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240
 35 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300
 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360
 AAATTTATTA GATTTAAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420
 40 TTAGATKTAC ATAATATATT TATCGTtATT TTAATTTTGG GCAAAATAAA AAGAGCCTCT 480
 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TAaATTATAA AAttGGCGAA cTAAAT 526

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4544 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

EP 0 786 519 A2

GGAACACCTA AAGAAAGAAA TGATGCATTA AACACAGAGG CTGATATCTA TGTAACCAAT 120
 AAAGAAAATA CTAAATGGTT ATGCGATCAA TATAAAAAAG AATGGCCATT TGATATGGTT 180
 5 GTAATTGATG AACTGTCTAC ATTTAAAAGT CCTAAGAGTC AAAGGTTTAA ATCTATTAAA 240
 AAGAAATTAC CACTCATTAA TAGATTTATA GGATTAACAG GAACACCTAG CCCAAATAGT 300
 10 TTACAGGATT TATGGGCTCA AGTTTATTTG ATAGACAGAG GCGAAAGACT TGAGTCTTCA 360
 TTCAGTCGTT ATCGAGAAAG GTACTTTAAA CCAACACATC AAGTTAGCGA ACATGTTTTT 420
 AACTGGGAGC TAAGAGACGG ATCTGAAGAA AAGATATATG AACGAATAGA AGATATATGT 480
 15 TTAAGCATGA AAGCGAAAGA TTATCTAGAT ATGCCTGACA GAGTTGATAC TAAACAAACA 540
 GTAGTCTTAT CTGAAAAAGA AAGAAAAGTA TATGCAGAAT TAGAAAAAAA CTATATTTTA 600
 GAATCGGAAG AAGAAGGAAC AGTTGTAGCT CAGAATGGGG CATCATTAAAG TCAAAAACATA 660
 20 CTTCAACTAT CTAACGGTGC AGTTTATACA GATGATGAAG ATGTAAGACT TATACATGAT 720
 AAGAAGTTAG ATAAGTTAGA GGAAATTATA GAGGAGTCTC AAGGCCAACC AATATTATTG 780
 TTTTATAACT TCaAACATGA TAAAGAAAGA ATACTTCaAA GGTtTAAGGa AGCAACCACA 840
 25 TTaGAGGATT CAAACTATAA AGAACGTTGG AATAGTGGAG ACATTAAGCT GCTTATAGCA 900
 CATCCAGCAA GTGCAGGGCA TGGATTAAAC TTACAACAAG GTGGGCACAT TATTGTTTGG 960
 TTTGGACTTA CATGGTCATT GGAATTATAC CAACAAGCAA ATGCAAGATT ATATAGACAA 1020
 30 GGACAAAATC ATACGACTAT TATTCATCAC ATTATGACCG ATAACACAAT AGATCAAAGA 1080
 GTATATAAAG CTTTACAAAA TAAAGAACTA ACGCAAGAAG AATTGATGAA AGCTATTAAA 1140
 35 GCAAGAATAG CTAAGCATAA GTAATGGAGG TATAAGATGG GAAAGGCATC ATACGATATT 1200
 AAGCCAGGTA CATTTAAATA TATTGAGTCA GAGATATATA ACCTACAAGA GAACAAGAAA 1260
 GAGATAAATA GATTGAGAAT GGAGATACTT AACCCAACGA AAGAGCTAGA CACTAACATT 1320
 40 GTGTATGGAC CGTTGCAAAA AGGTGAACCA GTTAGAACAA CTGAACTAAT GGCAACAAGG 1380
 TTATTGACTA ATAAGATGTT ACGAAACCTA GAAGAAATGG TCGAAGCAGT TGAAAGTGAA 1440
 TACTTAAAGT TACCTGAAGA TCATAAGAAA GTAATTAGGC TAAAGTATTG GAATAGAGAT 1500
 45 AAGAAGCTAA AGATAGAGCA AATAGGAGAT GCATGTCACA TGCATCGTAA TACAGTTACT 1560
 ACTATACGAA AGAACTTTGT TAAAGCGGTA cGwtATCATG CAGGTATCAA ATAACATTGT 1620
 50 GCAAAGATTG TGCAAAAGGC CTACAAATCT GTAGTAATAT GATAGTATCG GAAAGATGTA 1680
 TAAAGTTATC TAAAAGTTAT ACGACACAAG TACACGAGGC ACATCGCTAT GCGtGTGTCT 1740
 TTTGTTATGC AATCAAAGAG GTGTAAGAGA TGACCAAGCA TAATAACATT TATAAGCATG 1800

55

EP 0 786 519 A2

	AGATAGCATT AGATAGGGAT AATCATCTTT GTCAAATGTG TTTACGTGAA GACATAGTAA	1920
	CAGATGCAAA CATAGTGCAT CATATTATTT ATGTTGATGA AGATTTTAAT AAAGCTTTAG	1980
5	ACTTAGATAA TTTGATGTCA GTTTGTTATA GCTGTCATAA CAAAATTCAT GCAAATGATA	2040
	ATGACAAAAG TAATCTTAAG AAAATTAGAG TATTA AAAAT TTAAATAAAA AAATAATTTA	2100
	TTTTTATAGC CCCCTACCCA TCGGCTTAAA ATGTTTTTTC GACGGGTACC GCGGGGGGCC	2160
10	CTTCGCTTGC AACGCGGATA AACTTTTATG AAAGGGGGTC TTTATATGAA ATTAACAAAA	2220
	AAACAGCTGA AAGAATATAT ACAGGATTAT AAAAAATCTG ATGACATATT AATTAATTTG	2280
	TATATAGAAA CGTATGAATT TTATTGTCGG TTAAGAGATG AACTTAAAA TAGTGATTTG	2340
15	ATGATAGAGC ATACAAACAA GGCTGGTGGC AGCAATATTG TTAAGAATCC ATTAAGCATA	2400
	GAACTGACAA AAACAGTTCA AACACTAAAT AACTTACTCA AGTCTATGGG TTAACTGCA	2460
20	GCACAAAGAA AAaAGATAGT TCAAGAAGAA GGTGGATTGG GTGACTATTA AAGTTTTAAA	2520
	TGAACCTTCA CCAAACTAT TAACAACATG GTATGCAGAG CAAGTCACTC AAGGGAAAAT	2580
	AAAAACAAGC AAATATGTTA AAAAAGAATG TGAGAGACAC CTTAGATATC TAGAAAATGG	2640
25	AGGTAAATGG GTATTTGATG AAGAATTAGC GCACCGTCCT ATTGATTCAT TAGAAAAGTT	2700
	TTGTAAACCT TCCAAAGGAT CTAAACGTCA ACTTGATTA CAACCATGGC AACATTTTAT	2760
	TATTGGCAGT TTGTTTGGTT GGGTTCATAA AGAAACAAAA CTGCGCAGGT TTAmAGAAGC	2820
30	TTTGATATTT ATGGGGCGAA AAAATGGTAA AACAACACT ATATCTGGTG TTGCTAACTA	2880
	TGCTGTTTCT CAAGATGGAG AAAACGGCGC TGAAATCCAT CTTTtagCAA ACGTAATGAA	2940
	ACAAGCTAGG ATTCTATTTG ATGAATCTAA GGCGATGATT AAAGCTAGCC CAAAGCTTAG	3000
35	AGAAAATTTT AGACCTTTGA GAGATGAAAT TCATTACGAT GCAACTATAT CTAAAATTAT	3060
	GCCACAGGCT TCAGACAGTG ATAAGTTGGA TGGTTTAAAT ACACATATGG GCATTTTTGA	3120
40	TGAAATTCAT GAATTTAAAG ATTATAAATT GATTTcAGTT ATAAAAAACT CAAGAGCGGC	3180
	AAGGTTACAA CCCCTTCTTA TCTACATTAC GACAGCAGGG TACCAACTAG ATGGACCACT	3240
	TGTTAATATG GTAGAAGCGG GAAGAGACAC CTTAGATCGA ATCATCGAAG ATGAAAGAAC	3300
45	TTTTTACTAT TTAGCTTCTC TCGATGATGA CGATGATATA AATGATTCGT CGAATTGGAT	3360
	TAAAGCAAAT CCTAACCTAG GTGTTTCTAT CGATTTAGCT GAAATGAAAG AAGAGTGGGA	3420
	AAAGGCTAAG AGAACACCAG ATGAACGTGG AGATTTTATA ACCAAAAGGT TTAACATCTT	3480
50	TGCTAATAAT GATGAGATGA GTTTTATTGA TTATCCAACA CTTCAAAAAA ATAATGACAT	3540
	TATTTcCTTA GATGAGTTGG AAGGTAGACC ATGTACTATA GGTATGATT TATCAGAAAC	3600

55

AACACATTCT TGGATTCCCTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT 3720
 AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA 3780
 5 TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAAA TCACTTATGA 3840
 TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA 3900
 10 AACwAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCaTTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT 3960
 AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA 4020
 GCTGAACTA GACAGAAATG GGAAGTGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAAT 4080
 15 AGATGGTTTT GCAGCATTTT TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA 4140
 CAAGGGTGAA GGAAACATAG mATTTATTAG TATTArAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA 4200
 ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCACAC GCATAAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA 4260
 20 TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTTGGG 4320
 GTGTAATCAA TAATACGCTT GAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT ACnAAGTTAT 4380
 CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAAGTA GTTAATACAG 4440
 25 AAGTATCTGA TThACTTACA GTGTACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA 4500
 ATCAAATTGA AACAATCAGA AATGAAAAAG GTAATGCATA TGTG 4544

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 881 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40 CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT 60
 ATTGGTTCAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT 120
 TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT 180
 45 TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATTCCCG AATCAATGTT AATTCCTTTG 240
 ATAGCTCGAG CAAAAGACTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA 300
 AAAATATTTG ATGGTTTAGA TGATATGTAC AAAAATGTTA CATGTGATGA CATGTCTCAA 360
 50 ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT 420
 AATAAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT 480

EP 0 786 519 A2

ACATTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600
 TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660
 5 ATTGAAGGTG TATTGaTGTA TTTTGATGAG AGTGTAAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720
 ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAAACAATT 780
 GCGAATAATA CmaAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTAA 840
 10 TATGGGTACC ATGATTTanA AAAATTGGAT GAnATTACC C 881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3122 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

TGAATaaAAA TATATTAATA GATAACACA AATGTGTCcA AATACCCCTA GAGGTATTTG 60
 25 ACnAGTTCCA TCCAAGTGT TAAAATACCC CTACAGGTAT TTTAGGGAG GTTATTATGA 120
 AACAAACGG AGAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AACTAGCCA 180
 AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240
 30 GTTCCTACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAACCT 300
 ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360
 AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420
 35 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480
 ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540
 40 TTGAAGTAGG TGACCAAAAT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600
 AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACAAATGGAA 660
 TTAATGCGAT TATTCAAAAA GAAAAAGCAA AAGATTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720
 45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780
 CAAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840
 ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTA AAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900
 50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAAATGAAT ATGTTTGTTT 960
 TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTTGATTCA TTACCAACAC 1020

	TCATGGGTAT TCAGAAAGAA GAACTTAGAG ATGAAGTTGA GTACGGTGGT GTAGGCACTT	1140
	ATATTGGTGC TACTGAAAAT GCGAATCATA ATTTATTTAT CTAATTAAAT CTATTAATAA	1200
5	AAGGAGTTGT TATCATGTTT TTTAAACAGT TTTACGATAA TCATTTATCT CAAGCATCAT	1260
	ATTTAGTGGG TTGTCAACGT ACAGGAGAGG CAATAATAAT AGACCCTGTT CGTGATTTAT	1320
10	CGAAATATAT AGAAGTTGCA GATTCTGAAG GTTTAACAAT TACACAAGCT ACAGAAACAC	1380
	ATATTCATGC TGATTTTGCT TCAGGAATTC GTGATGTGGC TAAACGCTTA AATGCAAATA	1440
	TATATGTGTC TGGCGAAGGT GAAGATGCAT TAGGGTATAA AAATATGCCA TCAAAAACAC	1500
15	AATTTGTTAA ACATGGAGAT ATCATTCAAG TAGGCAATGT TAAATTAGAA GTTCTGCATA	1560
	CTCCAGGACA CACGCCTGAA AGTATTAGCT TTTTACTCAC TGATTTAGGT GGTGGTTCAA	1620
	GTGTTCCGAT GGGATTATTT AGTGGTGACT TTATTTTGTG TGGTGATATA GGTAGACCTG	1680
20	ATTTATTAGA AAAATCTGTT CAAATAAAG GTTCTACAGA AATTAGCGCG AAACAAATGT	1740
	ATGAGTCCGT TCAAAATATT AAAAATTAC CAGACTATGT TCAAACTGCG CCGGGTCATG	1800
	GTGCTGGAAG CCCTTGTGGT AAAGCATTAG GTGCCATACC TATATCTACA ATAGGTTATG	1860
25	AGAAAATTAA TAACTGGGCA TTTAATGAAA TTGATGAGAC TAAATTTATT GAATCATTAA	1920
	CATCAAATCA ACCAGCACCA CCGCATCATT TTGCACAAAT GAAACAAGTT AATCAGTTTG	1980
30	GTATGAATTT ATATCAATCA TATGATGTTT ATCCTAGTTT AGATAATAAG AGAGTAGCAT	2040
	TTGATCTTCG TAGCAAAGAG GCCTTTCACG GTGGCCACAC AAAAGGAACA ATCAATATAC	2100
	CATACAACAA AAACTTTATT AATCAAATTG GTTGGTACTT AGATTTTGAA AAAGATATAG	2160
35	ATGTAATTGG AGATAAATCT ACTGTTGAGA AAGCGAAACA CACTTTACAA TTAATTGGGT	2220
	TTGATAAGGT AGCAGGCTAT CGTTTGCCAA AATCAGGCAT TTCAACCCAG TCCGTTTATA	2280
	GCGCTGATAT GACAGGTAAA GAAGAACATG TATTAGACGT ACGTAATGAT GAAGAGTGGA	2340
40	ATAATGGACA CTTAGATCAA GCAGTTAATA TTCCGCATGG TAAATTATTA AATGAAAATA	2400
	TTCTTTTAA TAAAGAGGAT AAAATATATG TACATTGTCA GTCAGGTGTT AGAAGTTCAA	2460
	TTGCAGTGGG TATATTGGAA AGCAAAGGTT TTGAAAATGT GGTGAATATT AGAGAAGGCT	2520
45	ATCAAGATTT TCCAGAATCA TTAAATAAT TTAAGGATGT GGAAAAAATG AATAAGCATT	2580
	ATCAAATTGT TATTATTGGT GGCGGTACAG CAGGTGTTAC CGTAGCATCA AGACTATTAA	2640
50	GAAAAAATCA AAACTTAAAA GAGAAAATAG CAATTATAGA TCCAGCAGAC CATCATTACT	2700
	ATCAACCATT ATGGACGTTG GTTGGTGCAG GGGTATCTAG TTTGAAAAGT TCTCGTAAAG	2760
55	ATATGGAAAG TGTATACCT GAAGGTGCTA ACTGGATAAA ACAGGCTGTT TCAAGTTTTTC	2820

EP 0 786 519 A2

TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG 2940
 GTAAAAATGG TGTCTGCTCT AACTATTAC CTGACTATGT TAACgAAACT TGGAACCAAA 3000
 5 TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG 3060
 GAGGTGCgCC TATGAAAATT ATGTATTTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC 3120
 GT 3122

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3982 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

ATAnAGATAT AnAtnAATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAAATTT TAACAATTCT 60
 ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT 120
 25 AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTTTAC TGGCAATATC 180
 TGCCGTAATT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT 240
 AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTCAAG TATATTTCAA TTATTTATAG TTAGATTACT 300
 30 TTTTAGAAAA AAGAATGTCG ATTTGACAGA GGTGTGCGTT TTAsAsCATT TAATTCAATG 360
 GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT 420
 TAATATCGAC AATTTCCAAT CTGTCCTTTT TGACGTGTCT AATTTGAATT TAGTAATTCT 480
 35 ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA 540
 AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGTGTCTTTT TTGTTGTGTG 600
 40 GTTTTATTTT TGAAATTCGA AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTTGACTAGT GTATAAGTGC 660
 TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT 720
 TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT 780
 45 AATTTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC 840
 GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG 900
 TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC 960
 50 TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAAATTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA 1020
 TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTGCAA TATGGTGCAC GTCCACAATT 1080

EP 0 786 519 A2

	TCAAAATCTT	GTGAGAGAAT	TTGAAAAAAC	ACATACTGTC	AGTGCACACA	GAAAAGCACA	1200
	AAAGGCAGTC	AACTTAGTTT	CGTTTGAATA	CAAAGTGAAG	AAAATGGTCT	TACAAGAGCG	1260
5	AATTGATAAT	GTATTAAAAC	AAGGATTAGT	TAAATAAAAC	TTCAATCGTT	GCTGTTATCT	1320
	GGAAATAATT	AATTAAATGT	TATGTTAATT	TTTGTTAATG	AAAAAAGTAA	TCTATTTAAT	1380
	GACAGGTAA	TGTAATTGTC	CTGAAATTGA	CTATATACTC	AGTAAGTATC	AATTTTAAGG	1440
10	AGAGCTTATA	ATGAAATTTA	AAAAATATAT	ATTAACAGGa	ACATTAGCAT	TACTTTTATC	1500
	ATCAACTGGG	ATAGCAACTA	TAGAAGGGAA	TAAAGCAGAT	GCAAGTAGTC	TGGACAAATA	1560
	TTTAACTGAa	aGTCAGTTTC	ATGATAAACG	CATAGCAGAA	GAATTAAGAA	CTTTACTTAA	1620
15	CAAATCGAAT	GTATATGCAT	TAGCTGCAGG	AAGCTTAAAT	CCATATTATA	AACGTACGAT	1680
	TATGATGAAT	GAATATAGAG	CTAAAGCGGC	ACTTAAGAAA	AATGATTTTCG	TATCAATGGC	1740
20	TGATGCTAAA	GTGCAATTAG	AAAAATATA	CAAAGAAATT	GATGAAATTA	TAAATAGATA	1800
	ATAAATAAAA	CAGGTTGAGA	CAAAAAATGG	TCTTAACCTG	TTTCAATTT	GCATATGTGA	1860
	TAAATTCTAT	ATCAAAATGC	TTATGTATAA	TGAATGACAT	TTAAAAGTAG	GGGAGACAAA	1920
25	TATAAATACA	ATAGTTCCTA	GGATTACTCT	CAAAATAACT	ATATCAATTA	TTTACTTTGC	1980
	TCTCCTATTT	TTTAAATAT	GTACATGTTT	AAACAATCAA	AAGTGTAACA	TATTAAATTA	2040
	TCATTTCCAG	TTCTAGTGCT	ATATTGGTAG	TAGTTGACTA	AATGAAAATA	AGCTTATAAC	2100
30	AAGTTTTTTC	AATACTCGTG	GGGCCACAAC	AGAGAGAAAT	AGGATCACCA	ATTCCAACAG	2160
	ACAAATGCAAG	TTGGCGGGGC	CCCAACATAG	AGAAATTGGA	TCACCAATTT	CAACAGACAA	2220
	TGCAAGTTGG	GGTGGGGCCC	AACACAGAAG	CTGGCGAAAA	GTCAGCATAC	AAAAATGTGC	2280
35	AAGTTGGCGG	GGCCACAACA	GAGAGAAATA	GGATCACCAA	TTCCAACAAA	CAATGCAAGT	2340
	TGGCGGGGGC	CCCAACATAG	AAGCTGGCGA	AAAGTCAGCT	TACAAAAATG	TGCAAGTTGG	2400
40	CGGGGCCCCA	ACATAGAGAA	ATTGGAACCC	CAATTCTAC	AGACAATGCA	AGTTGGGGTA	2460
	GGACATCGAT	AAAGAAATAC	TTTTTCTTTA	GCAATTAGTA	TTTCTTATGC	ATGAGCTTTA	2520
	CTCATGTATT	CATTTTTTAA	GTACaCATTa	GCTACAGCTA	ATGATAAAGA	ACCACTACAT	2580
45	AATAAATCAT	TAGTGGTTCT	TTATCATTTC	TATCTCACTC	TTTTACTGGA	AGAAAAAGTT	2640
	TACGTTTGTA	GAACATGCCA	CAATACCAAA	AATAATTAAG	AAAAATAAGA	CGATAAGCAT	2700
	GATGACACTT	TTCAAACAAC	CTCTATCAGT	TTCTTTCGAT	TTTCTTTGTT	GAACCTTTTT	2760
50	ATAATCTTCA	AGTAGTTTTG	CGGCTTTTTT	ATTTATATGT	TTATTCATGA	TGTTGACTCC	2820
	TTATAATATA	TGTTTAATTC	ATTAAAATAG	TTGAAAACAT	GACTTGAAAT	AAAGATATAA	2880

55

EP 0 786 519 A2

AATTTGATGA TGATAATTTGC TTTTATTATTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT 3000
 AAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA 3060
 5 ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTTAATATAA 3120
 ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA 3180
 AAATCCGCAT CATTTGTTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT 3240
 10 GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTTG TTCACCACCT TATACTTCTA 3300
 TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT 3360
 TTTCAATTTGC TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT 3420
 15 TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTTGG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACTTTATT 3480
 AGCTACGTCA ATTGTAAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTTCCATC 3540
 TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC 3600
 20 GTTTGTTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCCAAT CATTAAAAAC 3660
 CATTTGTTAA CCTCCTTGAA CATTTAAATT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA 3720
 25 ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT 3780
 GTACTAATTA TACTTTTAAA TTTCTTATTT CAGTATAGTT TTAAAACGAT TTTAAAATAA 3840
 TTCTGCAAAT ATATTAAACAC ATAATGTGTT CAAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACTTT 3900
 30 ATATAAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAAA TnTCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT 3960
 GTCATGTTAG CCAATTTTAA AG 3982

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1353 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45 AGCTTGgaTG ATTTAAaTG GtCcTTTCCC AaCcTTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC 60
 TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAAATaCa ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT 120
 GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA 180
 50 TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA 240
 GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA 300

55

EP 0 786 519 A2

GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480
 5 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540
 AGATAAAACA AGACCTAATA ATATTCCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600
 TCATAAAAAT ATGGCTCAAT TAAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660
 10 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720
 AGTTTCTGAA CAACAAAAG CTGAATATGA TAAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780
 TTTGGATAAT CAAAAAATTA AGAAAACACC TGTAGTGTCA TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840
 15 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAAACTTGTG GTTCTGAC CAACAAAGAA 900
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AACGACACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960
 GCGTCAAACT CAGCAACAAA TTATTATATA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020
 TGAAAGTCAT GATTTCACAA CAACGCATCA ATCACCAACA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAGTAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAACGTTT 1320
 30 TAATAAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 35 (A) LENGTH: 1987 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTnAAATACT TTACTTTCTT 120
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACCGC ATTTACGTGA 180
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240
 50 TGATGCAATC CGTATTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAAATCAT TATCAGCGAA 300
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360

55

EP 0 786 519 A2

TGTTAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT 480
 AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAAATA 540
 5 CTTTCATGGTT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT 600
 ATTCAITCCT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC 660
 TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTT TGATCGGCTT TGACGTTTGT 720
 10 GTTGTTCTTT TTGTTGTTTT AATTTCACCTT TAACCTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA 780
 CGGTAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTTAAATCAA 840
 CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA 900
 15 TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC 960
 GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTAA TTAAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA 1020
 TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTC AATTG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA 1080
 20 ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC 1140
 CATTAAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA 1200
 25 GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG 1260
 AAATGATACC AGATGTIACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTTA CCCATTGCGA 1320
 ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAAA TTGAATCGCT TTAATACCTT 1380
 30 TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGC ATCTTTACCA ACTAATTTCTG 1440
 CTTTAACTTG TTTTTTATTA TGTAATTGGA CTCTAATTTT ATTTGCGCCA TCAATAACAT 1500
 GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTTTATTTG aTAGATAACA CCTGAACCTA 1560
 35 CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTTGC CyTTTAATAA GTCGTCTACA CTTGATGCTT 1620
 TTtGCATGk AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG 1680
 TACCGAATTT CTTGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA 1740
 40 CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTTGCCTATA CCAAGTACTA 1800
 GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGThTTAAAC CATGGAAATT 1860
 TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTTGGCTAT GGTtTGTTGT AGAATGATCT GTATGATTAA 1920
 45 AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTTAATTAT GTCTTTThTT 1980
 TATAATT 1987

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1351 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTAnT GCGCTCnTAT CGAGTATACT ATTAACTTCA ACTATTTTAG	60
10	CAATTGCATA TATTTTAATG TGGTTTAACG GCCATATGAC aCTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATGTAGTAT TTTTATTAAT CCACTTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAT ATAAAAACTA AGCAATTTCG TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCa CAAAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCAA CAAATGAATC AAATTAATC CGAACAACAA GAAAAACAG	360
	AACTGATTCA AACTTAGCC CATGATTAA AAACACCTT AGCAAGCATT ATTCATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATTTGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAACa TATCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAa TTACTTGTAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATTa	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTCAg AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
35	CAAAAACGGG TGGTTCTGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAACTCGCG CAACAAAATA	960
	ACGCAAAAAT CAGTGTAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAACATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTTATAAA ATAAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTT TTGTTTATT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAACCTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTCACCTAC AACACCAATT GAAATTAAC	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCGGA ATATTAACAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 433 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTTAACGCAA CGTGTACC G ACTTTTCAAG TACACAaCAA TATATATGTC 60
 TATTCCATTT TTAGCCCcTG CCATTTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180
 10 AGGACTTATC ATTATTAACA TTTCATTTAT CGTTATGATG GTTTAAACAC CATATTGGTA 240
 CTGTATTTA ATCGTCTATC TTATTTTCTT GTTGTTTTTA TTGTGGCAAA AGGTTTATAA 300
 ATTTTAATAC CAAAAC TATT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAAATA TCAGAAGTGT 360
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAAACGC CCTCCTCTTA 420
 TTTTGACCCC nAT 433

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1845 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTCCG CAATAGAGAT 60
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180
 35 TGTTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGGTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240
 TGCTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAAC 300
 TCAATATTTT CAAGTTTTC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360
 40 GAACCTGATG CAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCAACAAT TCAATTGCAG 420
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540
 45 TAAAAATGTT ATACATTCA TTTGTGTCTA TATTGCCCTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600
 TTTTGGTGT TGGAAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAACTT 720
 50 CTTTTTTCAA AGCAAGTACA GGTGTGACAT ATAATTTAGT TGGTTCTAAA AAGACATCGA 780

55

EP 0 786 519 A2

5 GCACTAAACT GTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC 900
 CCTCTTTCAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC 960
 CAGCTACATC ATATTCGCCT TCGTGATACA TTTCACCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA 1020
 TAAGTGCAGT ATTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTAAACAATT TGTTCATAAA 1080
 10 CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG 1140
 TCGTTAAAAT ATCATTAAACA CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC 1200
 CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTCGTAC CTACTCCGTC TGTTCAGAA ACTAAAACTG 1260
 GCGCTGtCAT ATTTAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA 1320
 15 TAACTTCTTT ACGCATCGTA CGtTTAAcaw GaCtAGaCaT TctTTcAcA GCTTCATAAC 1380
 CAGCATGAAT ATTTACACCA GATTGTTTAT ATGCTTTAGA CATTAAATT TCCCTCGCTA 1440
 TCAAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA 1500
 20 TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT 1560
 AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAACCC ATCTACAGAT 1620
 25 AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAGGTGA TTTGCTTGCA 1680
 GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCCGTAAA AACTTGGAAT CATAAATTCC 1740
 GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTKATTT GCACCAGAAT CkTTTAACAT TTTCACAATG 1800
 30 CGTCAATTG TCGTACCGCG nACAATGGAA TCATCAACAA GACTG 1845

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1141 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

35 TCATAAAATnG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAATTT ACAACACCAT TTTGGTTATT 60
 TGAAGCTTGT GGCGCTTGTT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTTT GATCTGTAGC 120
 45 AGGTTGTTGT TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT 180
 CTTATCTTTA TCTGTCGIAT CATTTTGTTT TTTTCTCAAT AAATATTAT CTAAAGGCGT 240
 50 TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTTGA TCTAAGAAAT CATTTTATC 300
 ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAAGTTT GCATATTTTT GAATGCTTTC 360

AGTTTAAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTGGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480
 AGTTAAATTA TGCTTTCAT TTTTACCTAC AATTGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATTCCATTT GACGTTGTCC 600
 ACGTTTAAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660
 10 TAATTTTGG TACCTTTTT TAATTTAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTTCATT 720
 TAAGTCGTAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780
 TTTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840
 15 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900
 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTTGA 960
 TTGATTAAAA GTAGTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTAGCAT CCTGTCCTTT 1020
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTTCTTC 1080
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGGCTG TCTTGAGAAG 1140
 A 1141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1565 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATTGGGcnc ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GGCGCCAACA 60
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATamCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCGA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180
 TTCAATGGTA TTAAATTAGC TAAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAGTTAAA 300
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360
 GGTAAAACAA AGGAAGCTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420
 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTCGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480
 50 TACAAAACAA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATTGCGTC TTACATAGTT GTTTGAAATT 600

GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAAA TAAAGCCTTG 720
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTTAAAATTT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780
 5 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900
 AGATTTTCAGG AGGAATGAAA TGTGaGGAAA TTTTCAAGAT ATGCATTTAC AAGTATGGCA 960
 10 GCATTAACCT TGTTGAGCAC TTTATCACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATT 1080
 AAAGAATTGC CTAAATCCGA AAATGTAAAA AATATTTATC AAGATTACGC TGTACTGAT 1140
 15 GTAAAACTG ATAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGTT 1200
 CATGCACCTG aCAAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260
 20 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320
 GACGCAGCCG ACAAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTCAC ATTGGAAAGT TAAATTTGAT 1500
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAAACTGGT 1560
 AAAGG 1565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2870 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTTAATATAG 60
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120
 45 TCATATTTAT TTAATATCAT ATTGTGGGGA TCTGCATTTT CAATGATAAA GATTGCGTTA 180
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTGTGCGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240
 TTGCCGTTTC TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360
 TTGATTAGTG CAGGTATAtC TGGrATTcyA GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

	GCATTTATAG GAATATCCAT TATTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA	540
	TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCATCT TTTAGTGAAA GTTTGTATTT TACTTTCCAG	600
5	AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATaTACAAT AATGGCAAGC	660
	TCACCATTTA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT	720
10	ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCCTA CTATAATTCC ATACGTTTTG	780
	CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTC TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA	840
	CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCCTTGCT	900
15	ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACCTTCTT TCAAAATACA	960
	TAATTATTC C AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAAACATT CGAGTGATAA AATTTTAAAA	1020
	ATCAAAAATA TAAAAATGAT CTAATTTTCGT CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTTG	1080
20	CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT	1140
	ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA	1200
	ACAAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTTTTTTAA	1260
25	TAAGGGATGG TCAAAATGGAA GGTTCAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG	1320
	GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCTT TAAAAGGCTA TGTGTCCGC GGTGGTCGTG	1380
30	AAATGGAGAA CCACCTTGAA TGTTTGTTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA	1440
	TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT	1500
	CTCGCTGTCG TGTTATTGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACTT	1560
35	TGACTAAAAC GGCGATTAAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG	1620
	ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTTCCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATTT	1680
	ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC	1740
40	TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATTCACTA	1800
	AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG	1860
	TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTAAAAT AGATGTTACG ACAAGTCAAA	1920
45	AAATTGCCCG AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AACTGACTA	1980
	TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA	2040
50	ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT	2100
	TAGCGCGACA AAGTCCTGAA TTTGGTAATC CTGATAAGTT TTGCCAAAAT ATTCCTAAAA	2160
	AAAGTTGGTT TGTTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATAA AGAGATTATC GATACAATAG	2220
55		

TCAATGATTC TGCATGGCAA ATGAGTTTTA CAATCAATCG TCAGCAACAG TTTAAAGACC 2340
 AACCTGAAAA TGAAATATCT ACATGGATTT ATGCCTTATA TTCAGATGTA AACGGCGATT 2400
 5 ATATTAAAAA GCCAATTACA GAATGTAGTG GTAATGAAAT ATGCCAAGAA TGGCTGTATC 2460
 ACTTAGGTGT ATCAACTGAC AAAATTGAAG ACTTAGCAAA ACATGCATCT AATACGATTC 2520
 CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC GACAGACCTT 2580
 10 TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTTATTGG TAACTTTGCA GAAACAGAGC 2640
 GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTAAGCT CATGGAAGCT GTTTATCAAT 2700
 TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTTGAT CTTGCGCTCT 2760
 15 TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT ACTAAAGATT 2820
 CGAAAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT 2870

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3105 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:

30 CnGTTTAGCT GCAAAAAGTA AATAACGACA CTGTATTTGG AATTTTGCAA TTAGAAACAC 60
 TTTTGGGTGA CATTAACTCA ATTTTCAGCG AGATTGAAAG CGAATACAAA ATGTCTAGAG 120
 AAGAAATTTT AATTTTACTA ACTTTATGGC AAAAAGGTTT TATGACGCTT AAAGAAATGG 180
 35 ACAGATTTGT TGAAGTTAAA CCGTATAAGC GTACGAGAAC GTATAATAAT TTAGTTGAAT 240
 TAGAATGGAT TTACAAAGAG CGTCCTGTTG ACGATGAAAG AACAGTTATT ATTCATTTCA 300
 40 ATGAAAAGTT ACAACAAGAG AACTAGAGT TGTGAAATTT CATCAGTGAT GCGATTGCAA 360
 GTAGAGCAAC AGCAATGCAA AATAGTTTAA ACGCAATTAT TGCTGTGTAA GTTTAATAGC 420
 ATAAAAAGAG GTTTTCATTA AGTTGAAAAC CTCTTTTTGT TGTGTCATT AATTTTTCAA 480
 45 ATGTTGACTA CTCAATCCTA AATTATAAAT AGTATAGCGC aCAAaTGCTT AAGAAATTTT 540
 TTCTATGGCA CAAATGAATG GAGCATGATT ACGTTGTTTT AAAAATTGAT ATTGCAAAAC 600
 TTGCGCATGC TTTTGATCCA AAGTACTCAA GTAATCAAGC AATGCATGCT TCTCAATTTG 660
 50 TCCTTCGCTA TGACCATGAT ATATAACAAG TACAATAATA CCTTCAATTG ACATTAATGA 720
 TAGCAATGAA TTAATAGCTT GGATTGTCGT GTCAGGCTTT GTCACGATAG ATTTATCACC 780

55

EP 0 786 519 A2

	TATATGATGT TCAATATTTT CATGTCCATC TTTTATTAAA GAAACATGAT TGAAATCCTT	900
	AACTTTATCA CGTGTATTTT CCAAAGCTAA ATCTTGAATG TCGAAACCAT AAACATGTCC	960
5	TTCTGGTACT TGTTCGGCTA AAAATAAAGT GTCATTGCCG TTACCGCAAG TTGCGTCTAC	1020
	AACAATACTT TCTGGTGTTA TATGTTGTTT AATAAGTGTT TTTGAAAAAG GGAGTATACG	1080
	TTCTAATTTT ATTGCTTCAC CTTAGACTTG TAACGCAAGC CTTGATAAGA ATTTCTACGT	1140
10	GCTAATTCAG CATCGATGCC ATTTAATACT TCCCATTIAT TAACACTCCA CATTGGACCT	1200
	ACCATGATAT CTATTGGACC ATCACCGGTA ATTCCGGTGAA CGATCATTTT AGGGGGAATC	1260
15	ACTTCTAATT GGTCCACAAC TAGGTTTGTG TACTCTTCTT GAGTCATAAA AGTTAATAAA	1320
	CCTTTATCGT ATTGTTTTAC CATCGGTGTA CCTTTTAACA AATGAAGTAA ATGAATTTTA	1380
	ATACCTTGTA CATCCATTGG TGCACCTCTT TGGCAGTAGC CATCATCATG TCATAGTCTT	1440
20	CGCCAGGTAA GCCATTAATG ATGTGTGTAC ATACATTGAT ATTATGCTTA CGTAATTTTG	1500
	CCACACCATC ATAATAAGTT TTCATATCAT GGGCACGATT GATTAAATCA GATGTTGACT	1560
	GATGGATTGT TTGTAGTCCT AATTCAACCC ATAAGTATGT TCGTTGATTC AAATCTGCTA	1620
25	AATATTCGAC AACATCGTCT GGTAGACAGT CAGGACGCGT ACCAATAGAT AATCCCACAA	1680
	CACCCGGTTC TTTAAGTACA GGTTCGAATT TTTCTTTTAA TACTTCAACC GGTGCATGTG	1740
	TATTTGTAAG TGCCTGAAAA TAAGCAATAT ATTTTCCTTC GTGCCATTTT TCATGCATCT	1800
30	TTTCTTTAAT TTCTTTAAAT TGTACTGCGA TTGAATCTGC ACGATTACCT GCAAAGTCTC	1860
	CGCTACCTGC AGCAGAACAA AATGTACATC CACCATGTGC TACAGTGCCA TCGCGGTTAG	1920
35	GACAGTCAAA CCCGCCATCC AATGCAACTT TAAATATTTT TTGTCCAAAT TTATTTTTTA	1980
	AATGGTAATT CCATGTGTGA TAACGTTTGT TTTCAAAAGC GTATTGGAAA TGATTGCCCA	2040
	TATGTCATTT TCCTTTCTAT AAAAAAGAG TTCTAAGTAC AGATTTTAAC ATATTTTAAT	2100
40	GTTATAGTGT TTATTATAGT TTGACAAAAA AGAGAGAGGA ACTATGAAAT ATGAATATAC	2160
	CTAAATCAGT CTGGTGGCTA GTAATTGGCA TGGCGTTAAA TATTACTGGT TCCAGTTTTT	2220
	TGTGGCCTTT AAATACAATT TATATGAAAC AAGAACTTGG AAAAAGTTTA ACTGTTGCTG	2280
45	GTTTAGTGCT AATGATAAAT TCATTTGGCA TGGTTATTGG AACTTTATTA GGTGGTTCAC	2340
	TATTTGATAA ATTAGGTGGA TACAAGACGA TTTTAATTGG AACTTTCACT TGTCTTTGTA	2400
	GTACAACGCT ACTTAATTTT TTTCACGGGT GGCCTTGGA TGCTGTATGG CTTGTAATGT	2460
50	TAGGGTTTGG TGGCGGAATG ATTATTCCTG CGATATACGC TATGGCTGGA GCAGTGGGC	2520
	CAAATGGCGG AAGACAAACG TTTAATGCGA TATACTTAGC GCAAAATATT GGTGTGGCTG	2580
55		

	ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA	2700
	ATGCGAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT	2760
5	TTATTTTCATT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT	2820
	GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG	2880
	TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTC	2940
10	TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTTATGT	3000
	TGTCGTTCTT TGTACAGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA	3060
15	TTTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT	3105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5532 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

	TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG	60
	AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGGTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACCTGCTG	120
30	AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA	180
	CATCAGCACC AGTGTTTCGA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC	240
35	ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTCAACCAG ATCAATTAGA GGTGATTTAG	300
	GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTACAG GTTCAGATTC ATTAGAGTCT GCTGAACGTG	360
	AAATTAATCT ATGGTTTAAT GAAAATGAAA TTAGTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT	420
40	GGTTATATGA ATAAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GGTAGAAAGG	480
	GTTTTGTTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA	540
	GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT KGGTAaCAG TAtTaAAAaG AGAGGAATAT	600
45	TCTTTATCAA ATGAAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGAA TATTATTTTCG	660
	ATTATTTkGG GGATTTTAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT	720
	TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTTATATT	780
50	TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTgAAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT	840
	TAACATATGT ATATTTTAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAAC TTTATTAATA	900

EP 0 786 519 A2

GATACGATTA TATTAACACG GCTAATCATT TTTAATTAAT GATTATATGA TGCAACTGTT 1020
 TAGAAATTCA TGATACTTTT CTACAGACGA ATATATTATA ATTAATTTTA GTTCGTTTAA 1080
 5 TATTAAGATA ATTCTGACAT TTAAATGAG ATGTCATCCA TTTTCTTAAT TGAGCTTGAA 1140
 AACAAACATT TATGAATGCA CAATGAATAT GATAAGATTA ACAACATATT ATAATGTTAT 1200
 CGTGGAAGTA TGAAAGGAGC GAGTGTGTAT GAGATACCTA ACATCAGGAG AATCACATGG 1260
 10 ACCTCAATTA ACAGTTATTG TTGAAGGTGT ACCTGCAAAT ATAGAAATTA AGGTTGAGGA 1320
 TATTAATAAA GAAATGTTTA AGCGTCAAGG CGGTTACGGA CGTGGACGTC GTATGCAAAT 1380
 TGAGAAAGAT ACAGTAGAAA TAGTATCAGG CGTTAGAAAT GGTATACAT TAGGTAGTCC 1440
 15 AATTACTATG GTTGTAACCA ATGATGACTT TACGCATTGG AGAAAAATTA TGGGAGCAGC 1500
 TCCAATAAGT GAAGAAGAAC GTGAAAATAT GAAACGTAAT ATTACAAAAC CAAGACCTGG 1560
 20 TCATGCAGAT TTGGTTGGAG GTATGAAATA TAATCATCGT GATTTACGAA ATGTGCTAGA 1620
 GCGATCATCT GCTAGAGAAA CAGCAGCTCG AGTTGCAGTC GGTGCCTTAT GTAAAGTGTT 1680
 ATTACAACAG TTAGATATCG ATATATACAG TCGTGTGTGT GAAATAGGTG GAATTAAAGA 1740
 25 TAAAGATTTT TATGATTCAG AAACATTTAA AGCAAATCTT GATCGTAATG ATGTTTCGTGT 1800
 AATTGATGAC AGTATCGCAC AAGCAATGCG AGATAAAATT GACGAAGCTA AAAATGAAGG 1860
 AGATTCAATT GGCGGTGTCTG TTCAAGTTGT AGTTGAAAAT ATGCCTGTTG GTGTAGGTAG 1920
 30 TTATGTGCAT TATGATCGTA AGTTAGATGG TAAGATTGCA CAAGGTGTTG TCAGCATAAA 1980
 TGCTTTTAAA GGTGTAAGCT TTGGTGAAGG ATTTAAAGCA GCTGAAAAGC CAGGTAGTGA 2040
 GATTCAAGAT GAAATCTAT ATAATAGTGA AATTGGTTAT TATCGTGGAT CTAATCACTT 2100
 35 AGGTGGTTTA GAAGGCGGTA TGTCAAATGG AATGCCAATT ATCGTTAATG GTGTAATGAA 2160
 ACCAATTCCA ACGTTATATA AACCATTAAA TTCAGTAGAC ATTAATACTA AAGAAGACTT 2220
 40 TAAAGCAACA ATTGAACGTT CTGATAGTTG TGCTGTTCCT GCAGCAAGTA TCGTCTGCGA 2280
 ACATGTCGTA GCATTTGAAA TAGCAAAAGC ATTATTGGAA GAATTCCAAT CAAATCATAT 2340
 TGAGCAACTT AAACAACAAA TTATTGAGCG CAGACAATTA AATATTGAGT TTAAACAACA 2400
 45 AGAACAATTG AGGTGTAATC ATGAAATTAC AAACAACATA CCCTTCAAAT AATTATCCAA 2460
 TATATGTTGA ACACGGTGCA ATTGACCATA TTAGCACGTA TATTGATCAG TTTGATCAAA 2520
 GTTTTATATT AATTGACGAG CATGTAAATC AATATTTTGC TGATAAATTT GATGATATTT 2580
 50 TATCATATGA AAATGTACAT AAAGTTATTA TTCCAGCTGG TGAAAAGACG AAAACATTTG 2640
 AGCAATATCA AGAAACATTA GAGTATATTT TATCCCATCA TGTAACCTCGT AATACAGCAA 2700

55

EP 0 786 519 A2

	ACGAGGCGTG CACTTTATAC AAGTGCCAAC GACTATACTA GCGCATGATT CTAGTGTGTTG	2820
	CGGTAAAGTG GGTATTAAC CAAAGCAAGG TAAAAACCTT ATCGGTGCAT TTTATCGTCC	2880
5	AACTGCTGTG ATTTATGATT TAGTCTTTTT AAAGACGTTA CCATTTGAGC AAATATTAAG	2940
	TGGCTATGCA GAAGTTTATA AGCATGCGTT ATTGAATGGT GAATCAGCGA CGCAAGATAT	3000
	CGAACAGCAC TTAAAGATA GAGAGATATT ACAGTCATTA AATGGTATGG ATAAATATAT	3060
10	TGCTAAAGGT ATTGAAACGA AGCTGGATAT TGTATTGCA GATGAAAAAG AACAAAGGTGT	3120
	ACGTAAATTT TTAAATTTAG GTCATACATT TGGTCATGCT GTTGAATACT ATCATAAAAT	3180
	ACCTCATGGT CATGCAGTGA TGGTTGGCAT TATCTATCAA TTTATAGTTG CGAATGCTTT	3240
15	GTTTGATTCT AAGCATGATA TTAATCATT TATTCAATAT TTAATACAAC TCGGCTATCC	3300
	TTTAGACATG ATAAGTACT TGGATTTTGA AACGTTATAC CAATATATGC TAAGTGATAA	3360
20	AAAGAATGAT AAGCAAGGTG TACAAATGGT CTGATTAGA CAATTTGGAG ATATCGTTGT	3420
	ACAACATGTT GATCAACTAA CATTACAACA TGCATGTGAA CAATTAAAAA CATATTTTAA	3480
	GTAGGTGAAT GAAATGGTAA ATGAACAAAT CATTGATATT TCAGGTCCGT TAAAGGGCGA	3540
25	AATAGAAGTG CCGGGCGATA AGTCAATGAC ACACCGTGCA ATCATGTTGG CGTCGCTAGC	3600
	TGAAGGTGTA TCTACTATAT ATAAGCCACT ACTTGGCGAA GATTGTCGTC GTACGATGGA	3660
	CATTTTCCGA CTGTTAGGTG TAGAAATCAA AGAAGATGAT GAAAAATTAG TTGTGACTTC	3720
30	CCCAGGATAT CAATCTTTA ACACGCCACA TCAAGTATTG TATACAGGTA ATTCTGGTAC	3780
	GACAACACGA TTATTGGCAG GTTTGTTAAG TGGTTTAGGT ATTGAAAGTG TTTGTCTGG	3840
	CGATGTTTCA ATTGGTAAAA GGCCAAATGGA TCGTGTCTTG AGACCATTGA AACTTATGGA	3900
35	TGCGAATATT GAAGGTATTG AAGATAATTA TACACCATTA ATTATTAAGC CATCTGTCAT	3960
	AAAAGGTATA AATTATCAAA TGGAAGTTGC AAGTGCACAA GTAAAAAGTG CCATTTTATT	4020
40	TGCAAGTTTG TTTTCTAAGG AACCGACCAT CATTAAAGAA TTAGATGTAA GTCGAAATCA	4080
	TACTGAGACG ATGTTCAAAC ATTTTAATAT TCCAATTGAA GCAGAAGGGT TATCAATTAA	4140
	TACAACCCCT GAAGCAATTC GATACATTAA ACCTGCAGAT TTTCATGTTT CTGGCGATAT	4200
45	TTTCATCTGCA GCGTCTTTA TTGTTGCAGC ACTTATCACA CCAGGAAGTG ATGTAACAAT	4260
	TCATAATGTT GGAATCAATC CAACACGTTT AGGTATTATT GATATTGTTG AAAAAATGGG	4320
	CGGTAATATC CAACTTTTCA ATCAAACAAC TGGTGCTGAA CCTACTGCTT CTATTCGTAT	4380
50	TCAATACACA CCAATGCTTC AACCAATAAC AATCGAAGGA GAATTAGTTC CAAAAGCAAT	4440
	TGATGAACTG CCTGTAATAG CATTACTTTG TACACAAGCA GTTGGCACGA GTACAATTAA	4500

55

AAACCTGTGA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA 4620
 ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC 4680
 5 AGTTGCTTCT CTACTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT 4740
 ATCATTTCCTA GGATTTTCTAC CAAAACATAA GCTTTTAGAA AATGAGGGAT AATATAAAAT 4800
 GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AACTAGAGAA ATTTAGACTC 4860
 10 TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTACTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC 4920
 ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCAAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACAA 4980
 ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTTA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA 5040
 15 AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTTGAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT 5100
 AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA 5160
 20 AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA 5220
 TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AACTGGTGA 5280
 ATATCAAGTT AATGGTGTA ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAAGTGG 5340
 25 kAACTATAGT GATkCcGATt CgCTTATACG ATGrAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG 5400
 AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAA GAAGCAATTA 5460
 AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAAgGCTAC TTGTATTTAC 5520
 30 aATCaTTATA TG 5532

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 942 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

AATTGGGTGA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC 60
 45 GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaAA TTGaACTTAA CTCAAGATCa 120
 ACTTGAGAGAA AACTCmACa CTAAAAArGC TACTATTTCA AATTATGAGA CAGGGTACAG 180
 AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA 240
 50 TTTGTTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAGG CGACATCACT TCCATATACA ACAAACCTCAC 300
 ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA 360

55

AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTTT 480
 TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT 540
 5 GGAACCTATG TTAAAACAAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA 600
 TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG 660
 CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC 720
 10 GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA 780
 CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTTACAGCAG TGTTTAAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC 840
 15 TAATTGCAAA ATAAAAAAG AACTATAGT ATATGAAGTT TTAAGTAGTG GTAATCAACC 900
 ATTCACCTAT GAGTTACCTA AAGATTATC GTCACATAAT GC 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 417 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

TGGnAAATGC AAACCAAAAT ATGATCCTCG TGcAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT 60
 30 GGGTAAAGAA TGGTTATTTT AAACCGTCAG AAGATAAATC AAAAGAAACA TATACAATTG 120
 TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT 180
 35 TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG 240
 GTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG 300
 GAATAACTAG ATATGATCTT GGTCGTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG 360
 40 AAGAGTATGC GTCATTATT CGTGCACAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT 417

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC 60

55

ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTTTGAAA GCGCAATCAA 180
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAAATATA 240
 5 ATTAAGAAAG AACAAAGGAG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAAATATTT TAATCGCAGT 300
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTTG CTAAACGTAA 360
 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420
 10 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAACTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTTGGyTC 540
 15 TCyTAAATCT ATCATTCCTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600
 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAGg ATTTATTGTT GGTTCGTAT CAGAATCTAT 660
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTTAGT TGTTCGTACT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720
 20 CCAACCACAA GTT 733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60
 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTTCGCTG CGATGCGGGT ATGGGTTCTA GTGCAATGGG 120
 35 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTTAAAAA GGCGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240
 40 TGATCGTGCT ATTAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCACTGGATA ATTCCTTAA 300
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATAA TCTAAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360
 AAATAAATTA AAAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420
 45 TAGCCcAtT GATTAAGTAC CACGGtCAAt ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTTGAAGCA TATTTAACTT 540
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600
 50 CTGATTTAAA CGATTTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

55

EP 0 786 519 A2

	TAGAGCTTGA	TTTAAATAAG	TACCAACTAT	CTTTATCTCG	AAAGCGTGGC	GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG	TACTGAATCA	AAGAAACGTG	AATTTTAAAG	TCAATTAATG	GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC	TAGCGTTTAT	TCAGTAATTG	AAAATCATTT	TGTCTTTCAT	TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA	AGACTTTGTT	GACTTAGAGC	GCATTTTAA	TGTTGAAAGA	CtATTaATGG	1020
	ACTACCTAAG	TGCCTTACCC	TACCAACTTA	CCGAATCAAG	TTATTTAACT	TTAACTGTCC	1080
10	ATATCGTGCT	CTCCATTTCA	CGTATAAAAA	ATGGAGAGtA	TGTCGCATTA	AACGATGATA	1140
	TTTATGATTc	TGTACAAAAC	ACATTTGAAC	ACAAAGTaGc	AAGCGAACTT	GCTGATAAAC	1200
	TTGGTCAAAT	ATATGACGTC	ACGTTTAAATC	AGGCAGAAAT	TGCTTTCATT	ACTATCCATT	1260
15	TACGTGGAGC	TAAACGAAAA	AATCTTAATG	ATACATCATT	AAATAATCGT	TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA	AGCGTTTGTT	AACAAAGTAG	AAATGATTTc	CGGTATGACA	TTTGCAGATT	1380
20	TGGATACTTT	AGTAGATGGA	CTGACGCTAC	ACCTTAATCC	TGCAATCAAT	CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA	GACCTATAAT	CCGTAAACAG	ACATGATTAA	GTTCAAATAT	CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT	AAGATTAGCT	TTAAATGATT	GTTGGCCTGA	TTTGATTTTT	CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT	TATAGTtTTA	CACTTTGGTG	GCTCGATTAA	AAACCAAGGT	AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT	AGTCGTTTGC	AGCAGTGGTA	TGGGAAGTAG	TCGTCTATTA	TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT	TTTTAGTGAG	ATTGAGCGTA	TTACACAAGC	ATCAGTCAGC	GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT	AAGTCAATAT	GATGGCATTa	TTTCTACTGT	GAATTTAGAC	ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTAAC	GGTAAACCCA	TTATTACCAG	ATAGTGATAT	CAGTTATGTC	GCACAGTTTT	1860
	TAAATACAAA	GTCTACGTTc	CAAGAGACGC	ATGATAAATC	ATCAAACATG	ATTGATAAGG	1920
35	ATGATGTTCA	TGTTGAAACG	AAAGATGTTG	ATGGCAACAC	ATCTTTTGAA	AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT	AACTTCAGTT	TTCGAAAAAC	ATTTAAGTGA	CGAAAAATCA	GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT	GCGTTCGGGT	TTAACTTTGC	TTGATTCAGT	GAAAATAGTT	AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG	GCAAACATAT	ATCGCAGATT	ATCTATATCA	ATGCGATGTA	ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT	CGCTGAACTA	CTAGAGCAAC	GATTGATTGA	CAATCCAGGA	TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC	TGTTGCAATA	CCACACCTAA	GAGACAATAT	GATTAAACAC	CCTATGATTc	2280
	TAATCACAGT	TTTAGAAGAA	CCGTTAACAT	TGCCTAGTAT	TCAAAATGAC	AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT	GATTTCCATG	TTTATTTCTG	ACAATGATTT	TATGGCATCA	CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTCCGA	ATTTTTAAGT	TTGAAATTAG	AATCTATTGA	TACTTTTATG	GAAAATCCAC	2460
	AGGAACTTGA	AACATTATTA	AGAAACAAAT	TTTTAGAACG	AATTAAAAAA	CAATTTATTT	2520

55

EP 0 786 519 A2

	TAACAGCCAA AATGAAGCAA TTGAAAAAGC AGGTAAAGCC TTACTTGATA GTGGTGCTGT	2640
	AACAGATGCT TATATTCAAG CAATGAAAGA TCGTGAGCAA GTCGTATCAA CATTTATGGG	2700
5	AAATGGCTTA GCAATTCCTC ATGGCACAGA TGAAGCTAAA ACAAATGTGA TTCACTCAGG	2760
	TTTAACATTA TTACAAATCC CTGAAGGCGT TGAAGGCGT GCGAAGTAG TTAAAGTTGT	2820
	CGTGGGAATT GCTGGTAAAG ATGGCGAACA TTTAGACTTG TTATCTAAAA TTGCAATTAC	2880
10	ATTTAGCGAA GAAGAAAATG TGGATCGTAT CGTTCAAGCA AAATCTGCAG AAGAAATTAA	2940
	ACAAGTATTC GAGGAGGCAG ATGCATAATG AAAGCAGTTC ACTTTGGTGC TGGTAACATA	3000
15	GGTCGTGGTT TCATTGGTTA TATTCTgCAG ACAACAATGT TAAAGTAACA TTTGCAGACG	3060
	TCAATGAAGA AATCATTAAAT GCTTTAGCTC ATGATCATCA ATACGATGTT ATTTTAGCTG	3120
	ATGAGTCTAA AACAACGACG CGCGTGAATa ATGtTGATGC AATTAATTCA ATGCAACCTT	3180
20	CTGAAGCGTT GAAACAAGCA ATTCTAGAAG CTGATATTAT TACAACAGCT GTTGGTGTTA	3240
	ACATACTACC TATTATTGCT AAATCTTTTG CGCCTTTCTT AAAAGAAAAA ACAAACCATG	3300
	TTAATATTGT TGCTTGAG AATGCTATTA TGGCAACTGA TACATTGAAA AAAGCAGTAC	3360
25	TTGATATTAC TGGCCCTCTT GGTAACnaTA TTCATTTTGC TAACTCAGCA GTTGATAGAA	3420
	TTGTACCATT AAAAAAGAAT GAAATATAT TAGACGTTAT GGTGAGCCA TTTTACGAAT	3480
	GGGTTGTGA AAAAGATGCA TGGTATGGTC CAGAACTAAA CCATATTAAA TATGTTGATG	3540
30	ATTTAACACC ATATATTGAG CGTAAATTAT TAACTGTGAA TACAGGACAT GCATATTTAG	3600
	CGTATgCTGG tAAATTTGCA GGTAAAGCTA CAGTTTTAGA TGCAGTTGAA GATAGTTCAA	3660
35	TTGAAGCTGG CTTACGCCGT GTTTTAGCTG AAAC TAGTCA ATATATTACT AATGAATTTG	3720
	ATTTTACTGA AGCGGAACAA GCTGGTTATG TTGAAAAAAT AATAGATCGT TTCAACAATT	3780
	CTTATTTATC TGATGAAGTA ACACGTGTCG GACGAGGTAC ATTACGTAAA ATTGGCCCTA	3840
40	AAGATAGAAT TATAAAACCA TTAACATATC TTTATAATAA AGATTTAGAA CGCACTGGTT	3900
	TATTAAATAC AGCTGCATTG TTATTGAAGT ATGATGATAC AGCAGACCAA GAAACTGTTG	3960
	AGAAAAATAA TTACATTAAA GAACACGGTT TAAAAGCGTT TTTAAGTGAA TATGCTAAAG	4020
45	TTGACGATGG CTTAGCCGAT GAAATAATTG AAGCGTACAA TTCCTTTCA TAATTTATTG	4080
	AGCTTTGTTT GAAACAAGAA GTTTCCAACG TTATTCGTTA ACAATCAGTA ATAATGTAGT	4140
	AGTTCCCTTG AATTAACAAT ATTAAATTTT TGAACATAAA AAATACTCCC TTCAACATAG	4200
50	ACACTTAAC TGTGTTATGT ATGAAAGGAG TATTTTTCG TTAATAATTT GTTTTATTTT	4260
	CGAGCCACAG CCACCTATTC AATGGCTATT GGTCACTACT AAAACAAATT CATATTAAC	4320
55		

EP 0 786 519 A2

TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTTGG TCTTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT 4440
 GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA 4500
 5 GTATCTGGTA AAGTTTTAGC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCCTTG TTGAGCTGAT 4560
 TTTGTCTTAG CTTGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA 4620
 TTGCTTCCAT TTGAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTTG CGTAgyTTTA 4680
 10 TTGTTTGCAG CTGAACCAAC TGATTTTTGC GTATCATTAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA 4740
 TCTTTTTGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT 4800
 GATGGTTTAT TCGAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT 4860
 15 GCAACGTTAG TTTCAGACTT AAGTTGTCCT GCATCAGTTT GATTGTGCGT ACTTTCTTCT 4920
 TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATTT GGTTCGTGTTA TGTCTGCTGA AGGCAATGTT 4980
 20 TCAGTTGTTG ATTCAACCAT ACTTTGATTT GTTGAATCAC TACCATCTTT TTCTGCCTTA 5040
 GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTCATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA 5100
 TTATTTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTT GCTATCAGCA 5160
 25 GATGATGCTG CTTCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTGGTGCA 5220
 TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTTGTTG TGCTTTCTGC TGGCGTTGCA 5280
 TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTC TACTTCTGGT 5340
 30 TTACTAGTTA CATCGTTATC CATTGTCGGA CTGTTTGTTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG 5400
 TTATTAGCTT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTCACCT 5460
 GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTGTC GGAGAAGCGT CTGCTTGCC ATTAGCTGTC 5520
 35 GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTT TCTGGTGTG CATTAGCATT TGAATTTGCT 5580
 GTTGCATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC 5640
 40 ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAATT CAGCAACTTC TGCATTTGTT 5700
 TGTGTTTTAT CTAATTTATC AGCAAATCTG TCAAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA 5760
 ATTTCTTTTC CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTAAATTA TTTCTATTTG CTTGTAAACC 5820
 45 ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTT TTAAC TTCAG GATTAATACG TTGTGCTTTA 5880
 AGTTGTTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA 5940
 ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTCT 6000
 50 TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTTACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTTCT 6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

55

(A) LENGTH: 977 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 535:

```

10 AACAAAGCCT TCCAATTATC TCGTCGGTA GAACAAGTAT TAGCAACTTT ATCACCTACG      60
   CTAAACAGTC CTTACGATTT ATACGGCAGC ACAAAAATGC TAGATATTAC ATTCGATTCA      120
   TTTGAACATG ATGGTACAAC GTACCCTGTC GACTATGCTA CGTTTGAAAA TGATTATGAA      180
15 GATAATAAAG ATCCTGAGTT TAGACGTAAA AGTTTCAAAT CGTTTAGCGA TGGGATTCGA      240
   AAATATCAGC ATACTACCGC GGCTACATAT AATATGCAAG TACAACAAGA AAAAATTGAA      300
   GCTGATTTAC GTGGATTTGA ATCAGTCATC GATTATTTAT TACATAGTCA AGAAGTAACG      360
20 CGTGATATGT TTGACCGTCA AATCGATATG ATTATGCGTG ACTTGGCACC AGTTATGCAG      420
   AAATATGCTA AACTTTTACA ACGTATTCAC GGATTAGATA ACATGCGTTT TGAAGACTTG      480
   AAGATTTCTG TAGACCCTGA TTATGAACCA GAGATTTCAA TTGAAGACTC AAAAAATTAT      540
25 ATTTTCGGTG CGTTAAGTGT TTAGGTGAT GACTATACAA ACATGTTACG TGAAGCATAC      600
   GATCAGCGAT GGaTTGATTT TGCACAAAAT AAAGGTAAAG ATACAGGCGC ATTTTGTGCA      660
30 AGTCCATACT TTACACATTC ATATGTGTTT ATTTCTTGGA CTGGTAAAAT GGCTGAAGCA      720
   TTTGTCTTAG CACATGAATT AGGTCATGCA GGTCAATTTA CATTAGCTCA AAAACATCAA      780
   CCATATCTTG AATCAGAAGC ATCAATGTAC TTTGTTGAAG CCCCTTCTAC AATGAATGAA      840
35 ATGTTGATGG CCAATTATTT ATTTAACACA AGTGATAATC CAAGATTTAA GCGTtGGGTT      900
   ATTGGCTCAA TTTTATCTAG AACATATTAT CATAATATGG tACCCmTTTA TTAGAAGCnG      960
   CTTATCCACG GGGAGTG                                          977

```

40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 536:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1440 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 536:

50

```

AGACAGTGAT yGaATTTTCAT TTACAGTACA CAAATCATCG AAAAATTGGT AACATTCTTC      60
TCTATTTTCT AACGTTAgwA TTgCATCAAA CAATTCATCT AACGCTGCAC CTCGTAATTT      120

```

55

AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT 240
 TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC 300
 5 GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTGTGTTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTGTTCGAT 360
 TAATTCACGG AACGGTGTTC TCGTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC 420
 GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTGTGAGAA 480
 10 AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG 540
 GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CtATTGTAAC ATCTGGTAAC 600
 15 ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TsTCTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA 660
 TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA 720
 ATTGGATTTC GTTATGAGG CATTGCAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT 780
 20 TCAACTTCTC TCGTTTCGGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAAA TTTTCTAGT 840
 GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTCGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT 900
 TGCGTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTTCA 960
 25 GGAGGAATGT TAGCAAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT 1020
 CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG 1080
 ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT 1140
 30 TTATAATTTT TTGCTTTTTT AGCTAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTCAATA 1200
 ATGTCATTIG CTTGTTTAAT AACGAACTT AAAGCTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT 1260
 AAACCATAAT GTACCCTTA CGTTCTTCAC CTAGCGTTTC AGAACTTGT CTAGTAAAGG 1320
 35 CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTTGTTCAA TTTCTGTGC ACGTTCGACA TTTACCTTTG 1380
 CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT 1440

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 784 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50 GATAAATCTA TnCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCaCCTAA AGCTTTTAaG TGTTCACAA 60
 TATCTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTAGTTACA CCCTCAGCAA 120

55

CATGTAATGT TGATGGTTTT ATCGTTGCTG TGCCTTCGTC AACTTCAATA TTTGCACCCA 240
 TGCGCTTTAA TTCTTCAACA TGTTTAAAC GTCCTGGATA AATCGTATCA GTTACAAATG 300
 5 AAGGACCATT TGCCATAAAT AATAATGGTG TAATAGGCTG TTGCAAATCA GTAGCAAAAC 360
 CTGGATATAC TAGTGTTTTA ATATCAACAA ATTGATATGG CGCATTATTA TTGATGCGAA 420
 10 TTCTTTCGTC TCTTACATCA ACATTCACAC CTAATTCACT AAATTTAGCA GTTAATGTTT 480
 CTACATGTTT CGGAACAATA TTATTTAATA TAACATTTTC TCCACATGCT GCAGCGATAC 540
 ACATATATGT GCCTGCTTCA ATTCTATCAG GTATAACTTG ATACTCAGAA CCATGTAATT 600
 15 CTTTGACGCC ATTGATTTTA ATTGTTGATG TACCCGCTCC CTTAATATTA GCTCCCATAC 660
 TTGTTAAGAA GTTAGCAACA TCAACTACTT CCGGTTCTTT AGCAGCATTT TCAATTACAG 720
 TTTGTCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGtnAAT TGTTGCACCT ACGCnAACCA 780
 20 TATC 784

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 3733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:

CAATCTCCAC CAATGACACG TCGTCATTCG TGACCTCATA CCArACAAAA AACAGTCTCG 60
 CAATCAAGAC TGTTTTCCAC TCAATATATT CATCCATTAG CGTAATAGAT TATTTGACTT 120
 35 CTGTAGCTAC AAAGaTTTTC CGTTTTTCCC AAACGCCTGT cTTTTTCATTG TAATCATCAC 180
 AAGTAATTAA TGTTAATTGT TTATCTTTAC CTTTTTGTTT ATCTAGAAcT CCTACATCTG 240
 40 TAGGCTTAAC ATCTCTTATA CTGTGCATTT TATACTTACG TGTTTCATTA CCAACTTTAA 300
 AGTACACCAT ACTACCTTTT TTGGCTGCTT TAAGATTTGT AAATTGATAG TTCGGACGGT 360
 CAATGAAAGT GTGTCCTGCA ATTGAAATAT TTTGATCATC TAGTGATTCA TTTTCTTCTG 420
 45 CAAAGCTTAC ACCTCTATTT AATTGTTTCT GTGTGCTGG TCCTGGATAT ACTGGTTCTT 480
 TAATATCAGC ATCTGGAATT TCAATATAGC CTGCCACTTT CGATTTATCT TTCGGAATTT 540
 GAGGTTTAGC TTGCTGCTTT TTATCTTTAC TCGCTGTTC TTTTACATTT TTATCATATT 600
 50 GTTCAATCTT TTCATCTTTA TCTTTATCGT GAAGATAATT ATCGATATGT GGTTTAGCAA 660
 ACAAATATGC TGCCACTAGG aTAAGTACCA CACCAGCGAT TGTCATTAAT CGATTTGTCC 720

55

EP 0 786 519 A2

	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCATT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTTGCAGC GTTCGGTTCA TTTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
15	GTGCGCTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC ACACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
20	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAATT TTAAACTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTAcTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCaGCTT cTGTTGTTGGG GCCCAAAAAG CTTGTTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTACTGCCAA TATACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTTAACGCT	1860
	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
35	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACCTTCTT AGAGATAAAT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTTAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTTT AACAAGTCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAAACTAA ACCTAATAAA TTACTTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCG	2520

55

GAACCAACTT CAGnTTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCAATT GTTTGCTACG 2640
 ACACGCCCAA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTAAATCA 2700
 5 TGTGTTTTTT CTAATTTAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC 2760
 GTtGCACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTG TTGCAATGGC AcCtTTGcTG 2820
 CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG 2880
 10 CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCCGTTACAC TTTCAACCCC ATCACCTGTC GTCCCTTTGA 2940
 TTA CTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTG CGCTCGCACT TCATCACGTG 3000
 ATTTACCGCT TAATTCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT 3060
 15 CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATTT 3120
 ATATAGGAAA CGTTTACGTC ACTGTATTTT TCTTTAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG 3180
 20 ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTTATCTT CATCTATCTT AATAAATCA 3240
 TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTAC TTGTGCTTTA 3300
 GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAATTTGGT AATCCATGAT TTAAATCTAC TTCTAGTCCA 3360
 25 TTTATATGAA TACCTTTAAT TTTAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTCA 3420
 ATGTAGCGAC CATCATACG AGATGATTG ATATAAGCAC AGTTTGGATG TTGACCAATA 3480
 CTATCGCCTT CTTCTTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTTCTAAT 3540
 30 GAAGATTTAA TTCGGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATTG CTCCACCCAC AATAGCGACA 3600
 TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT 3660
 TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC 3720
 35 TTGAAGGGCC CAT 3733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 40 (A) LENGTH: 525 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTAAACGCCA AGGCAAATAC 60
 50 GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT 120
 TCTCACTCAA TGATTTGGAA AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA 180

55

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCAAAA GCCTATTGGA GARACTTTGC 300
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTTAAATGCG 360
 5 CAAAACGTAC TTCTACTAAA GACGACATTC GTAAATTGCG AGAaGAGGAA AaTGTAaGaT 420
 ATTTAAGATT ACAATTCACT GATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480
 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CGGTA 525
 10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1408 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTC TGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60
 GTTGTTCACT TTTAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120
 25 AAGTTGTATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTGG CGCAAGTAGC AGTTTTTTCA 180
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTTGCGA ATCCTGCAAT 240
 TGaCCATGCT GtAGTGAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAT GTTACTCATT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CcAGCTAAT TGGACTGGTA 420
 TTCTGCCTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAAGCTC TTTATTCACT TCTCTTATTA 480
 35 TTTGTCTGCG TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgC AAGTTCTTTA GCTTGCAAAC 540
 TATTTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600
 40 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660
 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCTT AAAATCATTT 720
 ATAAACAGTC CGTTTTGCTC TAAAGTAACG GTTGGAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TGTAGACTCT 900
 TTACTAAAAT CATTCTATT GATTACAGGC TTTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTTCCAAACC 960
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTTGT 1020
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTTCG TCTAAATCAA 1080

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG cATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200
 TGTATGTTTG ACTTTTGTty TCTtTAACTG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260
 5 TTyCTTTTIG TTCTGGTGTC ATTtACGCTC CCCCTAmATT AGCyTCATAA CCGAATTCAG 1320
 TCATGATTTC ATGTATTTTC AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380
 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 432 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTCTGCAAT GATTTTTATC CGATGCTATG AGCATTAtCA AATACAAAAT GCTCTCTTAA 60
 AAGCAGTTAT TGA CTGAAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TtATTTAATT ACTTAAGAAA 120
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTTcATCTT TAGGCTTGTT 180
 ATTAGTAAGT AGTTTAAATAC CACTGATTAA CCATAAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTcATTTTT TTGTTTTTAG ATGCTTTAAA 300
 30 CATACCGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360
 TACAGTGAAA ATTGCTGCTG CTGTTTCTGc ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAACTGT 420
 TGTTGGACAC AT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2426 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTTAAATA 60
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACArG 120
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240

	GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT	360
	ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA	420
5	AAGATATACG TGTTGATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA	480
	TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC	540
10	AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG	600
	ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT	660
	TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT	720
15	TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTTAGCAACA CGTATAGAAA	780
	GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTAATAAAAT AGAACAGAT CAAAATAAAA	840
	TTTTTAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTTATTG AATTTACAAA	900
20	AGAGACTCAA TCAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCAATA GTAAATCGTC	960
	CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA	1020
	ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC	1080
25	CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT	1140
	GGTAATGTAT CTTTGCTTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT	1200
	GTAATTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA	1260
30	AATAAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTTTAAGT ATATAAGACG	1320
	TCTTATTTCC CCTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT	1380
35	CATTTTAAAC TTATAATGAA TTTAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA	1440
	TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTTGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGTGAC	1500
	CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC	1560
40	GAATACCAGT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTTAATGAT GTCTCCTCGA	1620
	GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT	1680
	CTACACGAAT ACTTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC	1740
45	GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC	1800
	ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAAGTG	1860
	TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA	1920
50	AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT	1980
	CATGGAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAG GCTCGGCAGT AATGTTTGAG	2040

55

GAGGAACATT TGAACATAAA ATAATATATT TATATAAAAC GACCgAGGCG TTCGAACTGA 2160
 ATGtCCTCGG GTTTAAATTGA ATAGAAATCG GACTTATGAA CGAAATATGT TTAAGTCGAA 2220
 5 CTCCTTGTTT ATACTTATAA ATTTTACGGG TTTAATATAA TACTTATTTA CCTGTAATAT 2280
 ATGCATAATT nCTTCAGTCG GTCAGCCTGT CGTTGCATAG TTCCTATGCA GCAAATGCAT 2340
 ATCCTAATCC TTTAACATTG GCATThCTGC AAATGAACGC ATAGAATCCA TTCACTGTTA 2400
 10 ACTTTTTThCA ACAAATGTCT nACATG 2426

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1874 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 543:

GAGTTGGGGA ATGTGCTCAA AATATGCGGA CTTTATGCAT TyCGGAATTG sCCaATTGCA 60
 25 GCTTTAAGCT ATGGTCAAAA AAAGAGGGTC ACTATAGCAT CTGTTTTAGT CTTAAATCCG 120
 GAAATAATCA TATTGGATGA ACCGACTGCT GGTCAAGATT TCTATCATT TAATGAGATA 180
 ATGTCATTTT TAATTGAACT AAACAGACAG GGAAGACGA TTATTATGAT TACGCATGAT 240
 30 ATGCATTTAT TGTCTGAGTA TAGTTCAAGA ACAGTTGTAT TATCAAAGG TCAAGTCGTT 300
 GCTGATACCA CGCCAgTATT GGTTTTAAAT GATAAAAAAA TCTGTGAGAT TGCATCATTG 360
 AGACAAACAT CGCTATTTGA AATGGCCGAA TATATAGGGA TTAGCGAGCC ACAGAAATTA 420
 35 GTACAATTAT TTATTAACCA TGATAGGAAG GTGAGACGcC AATGAATCAA TATAATACTA 480
 TAGGTTTTCA CCCGGGAAAT AGTCGTATTC ATCAATTAAA TGCGACTGTT AAACTTTTAT 540
 40 TCTTATTAGT TGTTTCTATT TCTGCAATGG TGACTTATGA CACAAGATAT TTAATTTTAA 600
 TTAGTGCTTC ATCTATTTTA TTGGTCAAAT ATGCTCATAT TGAATGAAA CAAGTTCGCT 660
 TTGTTGTAA ATTCATTCTG TTTTTCACAA TAaTAAATAT TATTGCCGTG TACATATTTG 720
 45 ACCCTGAATA TGGTGTGAAG ATTTATAATC AGCGTACAGA GTTAGTCAAT GGTATTGGTC 780
 GATTTACGCT AACATCACAG GAATTATTCT ATCTTTTTAA TCTAATATTA AAATATATTA 840
 GTACAGTTCC TTTAGCGTTA ATATTTTAT TCACAACGAA TCCGAGTCAT TTTGCTGCAA 900
 50 GTTTAAATCA GCTAGGTGTG AATTATAAAA TCAGTTACGC AGTCTCACTA GCATTAAGGT 960
 ATATTCCAGA TATTCAAGAA ACATATTtta ATATTTCACA AGCGCAACAA GCAAGAGGAT 1020

TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA 1140
 GACAAATTCGG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG 1200
 5 ATTATGTTGT TTTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCTTTT 1260
 TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA 1320
 GAAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT 1380
 10 TCCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAAA TATATACACT 1440
 CCCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC 1500
 CATTGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT 1560
 15 ATTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT 1620
 TATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC 1680
 20 ACAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT 1740
 AACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTAAATTC AAGCAGACGA TACTATGGAC 1800
 GACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAAaATAAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA 1860
 25 AAATAAAATT AAAA 1874

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 30 (A) LENGTH: 5280 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

TCAACATTTT TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTTGTA 60
 40 ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTTCATCTCC 120
 TAATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA 180
 AAAAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTCGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG 240
 45 TTGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT 300
 TAATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTTA CAGTTTTTAA 360
 50 AATAAAAATG GTATAAGTG TGATTTGTAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT 420
 TAATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG 480
 TTTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA 540
 55

EP 0 786 519 A2

	AAGCAAGTTT AGCATTGGGA ATGTTAGCAA CAGGTGTAAT TACaTCGAAT GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA aGCAGrAGTT AAaCAACAAa GTGAaTCAGA GTTAAAACAC TATTATAATA	720
5	AmCCAATTTT AGAGCGTAAA AATGTGACTG GATTTAAATA TACTGATGAG GGTAAACACT	780
	ATTTAGAAGT CACAGTAGGG CAACAGCATT CTCGAATCAC TTTACTTGGA TCTGATAAAG	840
	ATAAATTTAA AGACGGAGAA AACTCAAATA TAGATGTGTT TATCCTTAGA GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC AACAAATTAC TCAATTGGTG GCGTTACAAA ATCAAATAGT GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT CAATACGCCA ATTTTAGAAA TCAAGAAAGA TAATGAAGAT GTACTTAAAG	1020
	ATTTTTACTA CATTTCAAAA GAAGACATCT CATTAAAAGA ACTTGATTAT AGATTAAAGAG	1080
15	AACGTGCGAT TAAACAACAC GGCTTGTAAT CAAATGGTCT TAAACAAGGT CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA TGATGGCACA ACACATACAA TCGATTTAAG TCAAAAACCTT GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA GTCAATCGAC GGCCTAAGA TTAATAAAAT TCTAGTAGAA ATGAAATAAT	1260
	ACTTTCTAAC AACAAAGCGC TATGTTGAAT AGTGCTTGTT ATGGAATAT ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC TGTTGCTTAG CTTCTTTTTT TGAGGGGAAA AGTTACAAA CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC ACGCATTATC TTTTGCTTAA ATAGCTTAAT CATATTTTAT GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA ATGTGAATAT CCGAATACAG CTCCTATAAT ATGGGTGTAT GATTCAAATT	1500
	ACGTAATAAA ACAATCTAAT TATAATAGAT TGGAGCATAC AACTATGAAA ATGAAAAATA	1560
30	TTGCAAAAAT AAGTTTGTTA TTAGGAATAT TAGCAACAGG TGTAACACT ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA TGCCGAAAAG AAACCTATTG TAATAAGTga AAATAGCAAA AAATTAAAAG	1680
35	CTTATTATAA TCAACCTAGT ATTGAATATA AAAATGTGAC AGGTTATATC AGTTTCATTC	1740
	AACCAAGTAT TAAATTTATG AATATCATAG ATGGTAATTC TGTTAATAAT ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA TAAGCAACAT TATCATACGG GTGTACATCG TAATCTTAAT ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA TAAGAGATTT GAAGGTGCAA AGTACTCTAT TGGGGGTATC ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAAGC TGTCGACCTA ATAGCAGAAG CAAGAGTTAT TAAAGAAGAT CATACTGGTG	1980
	AATATGATTA TGACTTTTTTC CCATTTAAAA TAGATAAAGA AGCGATGTCA TTGAAAGAGA	2040
45	TTGATTTTAA ATTAAGAAAA TACCTTATTG ATAATTATGG TCTTTACGGT GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT TACAGTCAAA AAGAAATACT ATGGAAAGTA TACATTTGAA TTGGATAAAA	2160
50	AGTTACAAGA AGACCGTATG TCCGATGTTA TCAATGTCAC AGATATTGAT AGAATTGAAA	2220
	TCAAAGTTAT AAAAGCATAA CACATATACT TGATGACGAA ATAAGTTGAA ATTGAAATAG	2280
	AGAGGTTAAG TGACGATCAA ACGTTGCTTA ACTTCTTTTT AATGCTTAAA AATTATTTCA	2340
55		

	TTAATAATAC TTCAATAATT GTTAAAAGGG GTTTAATGTG ATTATCTTAG AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT TGTATGATTC AAATTACGTA AAAAGACAAT CGAATATAAT ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT ATGAAAATGA GAACAATTGC TAAAACCAGT TTAGCACTAG GGCTTTTAAC	2580
	AACAGGCGCA ATTACAGTAA CGACGCAATC GGTCAAAGCA GAAAAAATAC AATCAACTAA	2640
10	AGTTGACAAA GTACCAACGC TTAAAGCAGA GCGaTTAGCA ATGATAAACA TAACAGCAGG	2700
	TGCAAATTCA GCGACAACAC AAGCAGCTAA CACAAGACAA GAACGCACGC CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA AATACTAATG AGGAAAAAAC CTCAGCTTCC AAAATAGAAA AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA GAAGAGCAGA AAACGCTTAA TATATCAGCA ACGCCAGCGC CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA ACGACAACCG AATCCACAAC GCCGAAAAC TAAAGTGACAA CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG CCACAACCAA TGCAATCTAC TAAATCAGAC ACACCACAAT CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA CAAACAGATA TGACTCCTAA ATATGAAGAT TTAAGAGCGT ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT GAATTTGAAA AGCAGTTTGG ATTTATGCTC AAACCATGGA CGACGGTTAG	3120
25	GTTTATGAAT GTTATTCCAA ATAGGTTTCT CTATAAAATA GCTTTAGTTG GAAAAGATGA	3180
	GAAAAAATAT AAAGATGGAC CTTACGATAA TATCGATGTA TTTATCGTTT TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA TTGAAAAAAT ATTCTGTGCG TGCGATCACG AAGACTAATA GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA GTAGAATTAA GCATTACTAA AAAAGATAAT CAAGGTATGA TTTCACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA TACATGATTA CTAAGGAAGA GATTTCCTTG AAAGAGCTTG ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA CTTATTGAAA AACATAATCT TTACGGTAAC ATGGGTTTCTAG GAACAATCGT	3480
35	TATTTAAATG AAAAACGGTG GGAAATATAC GTTTGAATTA CACAAAAAAC TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA GACGTCATAG ATGGCACTAA TATTGATAAC ATTGAAGTGA ATATAAAATA	3600
	ATCATGACAT TCTCTAAATA GAAGCTGTCA TCGGAAAAAC AAGAAGTTAA GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT GCTTAGCTTC TTTTATTATG CGTAATGATG TAAAAAGACG AATATTCATT	3720
	TGTTTGTAAG AGTGGCATT CTATGTCTTA AAAGTGACGA AACTTCAAAT GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA TCAAAATCAT TTTTATTTAA CGAACATTAT GGATTCTTA ATTACTTAA	3840
	CGATGATTCA AATATAGTTA AACAAGGTTT AATGTGAATG GAGCAATACG CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA TGATTCAATG AATGTAATCG AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA AATAACAACG ATTGCTAAAA CAAGTTTAGC ACTAGGCCTT TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC AACGACAACG CAAGCAGCAA ACGCGACAAC ACTATCTTCC ACTAAAGTGG	4080
55	AAGCACCACA ATCAACACCG CCTCAACTA AAATAGAAGC ACCGCAATCA AAACCAAACG	4140

CGCCTTCAAC TAAAGTGACA ACACCTCCAT CAACAAACAC GCCACAACCA ATGCAATCTA 4260
 CTAAATCAGA CACACCACAA TCGCCAACCA CAAAACAAGT ACCAACAGAA ATAAATCCTA 4320
 5 AATTTAAAGA TTTAAGAGCG TATTATACGA AACCAAGTTT AGAATTTAAA AATGAGATTG 4380
 GTATTATTTT AAAAAAATGG ACGACAATAA GATTTATGAA TGTGTGCCA GATTATTTCA 4440
 TATATAAAAT TGCTTTAGTT GGTAAAGATG ATAAAAATA TGGTGAAGGA GTACATAGGA 4500
 10 ATGTCGATGT ATTTGTCGTT TTAGAAGAAA ATAATTACAA TCTGGAAAAA TATTCTGTCTG 4560
 GTGGTATCAC AAAGAGTAAT AGTAAAAAAG TTGATCACAA AGCAGGAGTA AGAATTACTA 4620
 AGGAAGATAA TAAAGGTACA ATCTCTCATG ATGTTTCAGA ATTCAAGATT ACTAAAGAAC 4680
 15 AGATTTCCCTT GAAAGAACTT GATTTTAAAT TGAGAAAACA ACTTATTGAA AAAATAATC 4740
 TGTACGGTAA CGTTGGTTCA GGTAAATTG TTATTAAAT GAAAAACGGT GGAAAGTACA 4800
 20 CGTTTGAATT GCACAAAAA TTACAAGAAA ATCGCATGGC AGATGTCATA GATGGCACTA 4860
 ATATTGATAA CATTGAAGTG AATATAAAAT AATCATGACA TTCTCTAAAT AGAAGCTGTC 4920
 ATCGGAAAAA CAAGAAGTTA AGTGACAACG GCCTACATGT TGCTTAGCTT CTTTGTTAT 4980
 25 GTTCGATGAT TTGAGAACCC GAATTTTCGA TGGGTCCAAA TATGACGTGG AAGAGACCTG 5040
 AATTTATCTG TAAATCCCTA TCTATCGGGT GTGAAGCACA ACGGGATCAG TTTTATTTAA 5100
 CGAACATTAT AGATTCCTTA ATTTACTTAA TAATGATTCA ATGATTATTA AACATGGTTT 5160
 30 AATGTGAAAG GTCAAATACG CTAACATAA TAAAGCTGTA TGATTCAATA GACGTAAGCG 5220
 AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA CAACTATGAA AATGACAGCA ATTGCGAAAG 5280

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 545:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 886 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 545:

45 AGTAAATG CCGGTATGAT GGACACAAAC GGTGACCTTG GTCAAGGTGA ATTAGCGATT 60
 AATCCACCTA AATCAGATTT gAACGAATTA CCTTGGGCTA CACGTAAAAA TAAACAGCCA 120
 50 GCTTCATCCG AAAAAgGTTT AAGTGGTCAT CATGGTAATG CAGCAATGCC TCAAACCAmA 180
 TTAGATTATC AAATATCTAT TGATAAGGTC GTTGAACAGG CGCAAAAAGC TGGTATTAAA 240
 AAGCCGTTTT CAATCGTATA TCCAAGTGAT AAAAATGGTA CCTTTATTGT ATCTAATACT 300

55

GATCAATATA GCGGTAAAAA GCTAGGTACG ATTAAATATG ATGACTACGG TATTATTGCT 420
 AAATGGTTTA CATGGGGCAT TCCGCTTCAC GAAGGTCATT TATTCGGCAT TTAAATAAAA 480
 5 ATCATTAAAT TATTTGTATG TATCGCTTTA TTAGTAGCCA TTGGCATGGG GTTTGTCTCT 540
 TGGATAAAGC GTACAAAAA TACTGCAGTA AAAGTACCAC ATCGCGTAAA AAAACCAGCA 600
 TCTATATCAC TCATAATATG TTTAATTGTA TTAGGATTAT TAATGCCATT ATTTGGATTA 660
 10 TCACCTATCC TTGTATTTAT AATTGAATTA ATATTATATA TTAAAGATCG TCGTGCTAAA 720
 CAATAATGCA CTTAAAGTTT TGAAGTACG AAATTTACAA AATGgATTCT CGTCTCTCTA 780
 15 ATTACTTAAA ACGGGgTtCy AaTAATAAAT CgTACTGaTG GgAAAGTTTT TACTTTTTTAt 840
 CTGtCCGAtT TTTTnGAAwT TGAAGATAAA AAAGCATCTA AAACGC 886

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4336 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

30 GGCATTTGTG TCCTTATATA AGGAACTGTG tTAAATACAT TACTGTTGTT AAGTTGTTTT 60
 TGTAATTCAA AGAGCAGAAC AGAGTAACAT CATCAGTTGT AGTAAACGAT AATCCGGTAA 120
 AACAACTAAA TGAAATAATG AAAGTCATTT AACCTGAACA TTAAAATATA TTTGTTTTTC 180
 35 ATTAAGAATA ATTCAAGTAT ATTTAAATCG AGGTTAATTA TCGTATGAAA CGATGCACGT 240
 TATAATAAAA ATGTATGATT CAAATTACGT AATGAAAACA ATCCAATATA TTAAGATTGG 300
 AGCAAATAAA TATGAAATTT ACAGCATTAG CAAAAGCGAC ATTAGCTTTA GGAATTTTAA 360
 40 CAACAGGAAC TTTAACAACA GAAGTTCATT CAGGTCATGC AAAACAAAAT CAAAAGTCAG 420
 TAAATAAACA TGACAAGGAA GCATTATACC GATACTACAC TGGAAAGACT ATGGAAATGA 480
 AAAATATTAG TGCTTTGAAA CATGGTAAAA ACAACTTACG TTTTAAGTTT AGAGGTATTA 540
 45 AGATTCAAGT TTTACTGCCT GGAAATGATA AAAGTAAATT TCAACAGCGT AGTTATGAGG 600
 GGTTAGATGT TTTCTTTGTT CAAGAAAAAA GAGATAAGCA CGATATATTT TATACTGTTG 660
 50 GTGGTGAAT ACAGAATAAT AAAACATCTG GAGTTGTCAG TGCACCAATA TTAAATATTT 720
 CAAAAGAAAA GGGTGAAGAT GCTTTTGTGA AAGGTTACCC TTATTACATT AAAAAAGAAA 780
 AAATAACACT AAAAGAACTG GATTATAACT TGAGAAAGCA TCTAATTGAA AAATACGGAC 840

55

	ATAACCTTGA TTTAAGATCT AAATTAAAAT TTAAATATAT GGGGGAAGTC ATAGAAAGCA	960
	AACAAATTAA AGATATTGAA GTTAACTTAA AGTAAATCAT TACGAATAAT TAAAAGTAAT	1020
5	TGAAGCGGCT TAACGGTGAA ATGTAAATTG GTGCGCATAG CTTATACAAA AAGGATGCAT	1080
	CAATCGATAT CGTCGTAAAG CCGTTTTGGT TTGTGTGTCA TGAATCCTAT CCCAATCTCC	1140
10	ATAAAGGTAA AATTTCCACC ACCAACATCA AAATTCTCCA CATCGCAACA TAACCAAATG	1200
	TTATAATAAA TCTATTACAC AAAGAGATAA ATTACTTATT CAAAGGCGGA GGAATCACAT	1260
	GTCTATTACT GAAAAACAAC GTCAGCAACA AGCTGAATTA CATAAAAAAT TATGGTCGAT	1320
15	TGCGAATGAT TTAAGAGGGA ATATGGATGC GAGTGAATTC CGTAATTACA TTTTAGGCTT	1380
	GATTTTCTAT CGCTTCTTAT CTGAAAAAGC GGAACAAGAA TATGCAGATG CCTTGTCTAGG	1440
	TGAAGACATC ACGTATCAAG AAGCATGGGC AGACGAAGAA TACCGTGAAG ACTTAAAAGC	1500
20	AGAATTAATT GACCAAGTCG GTTACTTCAT TGAGCCAGAA GATTTATTCA GTGCGATGAT	1560
	TCGTGAAATT GAAACGCAAG ATTTTCGATAT CGAACACCTG GCGACGGCAA TTCGTAAAGT	1620
	TGAAACATCA ACATTAGGTG AAGAAAGTGA AAATGACTTT ATCGGTCTGT TCAGCGATAT	1680
25	GGATTTGAGT TCAACGCGAC TAGGTAACAA TGTCAAAGAA CGTACTGCTT TAATCTCTAA	1740
	AGTCATGGTT AATCTTGACG ACTTACCATT CGTTCACAGT GACATGGAAA TTGATATGTT	1800
30	AGGTGATGCA TATGAATTCC TAATTGGGCG CTTTGC GGCG ACAgCGGGTA AAAAAGCAGG	1860
	CGAGTTCTAT ACACCACAAC AAGTATCTAA GATACTGGCG AAGATTGTCA CAGACGGTAA	1920
	AGATAAATTA CGTCACGTGT ATGACCCAAC ATGTGGTTCA GGTTCACTGT TGTTACGTGT	1980
35	TGGTAAAGAA ACACAAGTGT ATCGTTATTT CGGTCAAGAA CGTAACAATA CTACATACAA	2040
	CTTAGCACGC ATGAATATGT TATTACATGA TGTGCGTTAT GAGAACTTCG ATATCCGTAA	2100
	TGATGACACA TTGGAAAACC CAGCCTTTTT AGGCAATACA TTTGATGCGG TTATTGCGAA	2160
40	CCCACCGTAT AGTGCGAAAT GGACTGCAGA TTCAAAGTTT GAAAATGACG AACGATTCAG	2220
	TGGTTACGGC AAACCTTGCGC CTAAGTCTAA AGCAGACTTT GCCTTTATTC AACACATGGT	2280
45	ACATTACCTA GACGATGAAG GTACCATGGC CGTTGTACTC CCACATGGTG TATTATTCCG	2340
	AGGTGCTGCA GAAGGTGTCA TTCGTCGTTA TTAAATTGAA GAAAAGAACT ACTTAGAAGC	2400
	TGTGATTGGT TTGCCAGCGA ATATTTTCTA TGGGACAAGT ATTCCAACAT GTATTTTAGT	2460
50	ATTTAAAAAA TGTCGCCAAC AAGACGACAA CGTACTATTT ATCGATGCAT CCAATGATTT	2520
	TGAAAAAGGA AAAAATCAAA ATCATTTAAG CGATGCCCAA GTCGAACGTA TTATAGACAC	2580
55	ATATAAGCGT AAGGAAACAA TTGATAAATA TAGCTACAGC GCGACACTAC AAGAGATTGC	2640

	GATTGATTTA GATCAAGTCC AACAGATT T GAAAAATATC GATAAAGAAA TCGCAGAAAT	2760
	TGAGCAAGAA ATCAATGCAT ACCTGAAAGA ACTTGGGGTG TTGAAAGATG AGTAATACAC	2820
5	AAAAGAAAAA TGTGCCAGAA TTGAGGTTCC CAGGGTTTGA AGGCGAATGG GAAGAGAAGC	2880
	AGTTAGGGGA TCTTACAGAT AGAGTAATTA GGAAAAATAA AAACCTAGAA TCGAAAAAGC	2940
10	CTTTAACAAT ATCCGGACAG TTAGGTTTAA TTGATCAAAC AGAATATTTT AGTAAATCAG	3000
	TTTCGTCGAA AAATCTAGAA AATTATACAC TAATAAGAA TGGAGAATTC GCGTATAACA	3060
	AAAGTTATTC TAATGGATAC CCATTAGGGG CTATTAAAAG ATTAAGTAGA TATGATAGTG	3120
15	GTGTATTGTC CTCTTTGTAT ATTTGTTTTT CTATTAAAAG TGAAATGTCT AAAGACTTCA	3180
	TGGAAGCATA TTTTGATTCT ACACACTGGT ATAGAGAAGT TTCTGGAATT GCAGTTGAGG	3240
	GTGCAAGAAA TCACGGATTA TTAAATGTTT CTGTGAATGA TTTTTTTACT ATTCTAATTA	3300
20	AATATCCAAG TTTAGAAGAA CAGCAAAAAA TAGGCAAGTT CTTAGCAAAA CTCGACCGAC	3360
	AAATTGAATT AGAAGAACAA AAGCTTGAAT TACTTCAACA ACAGAAAAAA GGCTATATGC	3420
	AGAAAATTTT CTCACAGGAA CTGCGATTCA AAGATGAGAA TGGTGAAGAT TATCCAGATT	3480
25	GGGAAAATAG CAAAATAGAA AAATATTTAA AAGAGAGAAA CGAACGTTCT GACAAAGGGC	3540
	AAATGCTTTC AGTAACTATA AATAGTGGCA TTATAAAATT TAGTGAATTG GATAGAAAAG	3600
30	ATAATTCAAG TAAAGATAAA AGTAATTATA AAGTAGTTAG GAAAAATGAT ATTGCATATA	3660
	ATTCTATGAG AATGTGGCAA GGGGCTAGTG GTAAATCAAA TTATAATGGG ATTGTTAGCC	3720
	CTGCATATAC TGTGCTTTAT CCAACACAAA ATACTAGCTC ATTATTTATT GGATATAAGT	3780
35	TTAAAACACA TAGAATGATT CATAAATTTA AAATTAATTC ACAAGGATTA ACATCAGATA	3840
	CATGGAACCT AAAATATAAA CAATTAAAA ATATAAATAT AGATATACCT GTATTGGAGG	3900
	AACAAGAAAA GATAGGTGAT TTCITTTAAA AAATGGATAT ATTGATAAGT AAACAGAAAA	3960
40	TGAAAATTGA AATATTAGAA AAAGAGAAAC AATCCTTTTT ACAAAAAATG TTCTTATAAC	4020
	TTTGATAAAT ACATAGATTG CATAAGAATA AAATTTGTAT AATTTAACAT AAAAGTTGTA	4080
45	AAAGTAAAGT GAATTAAAAA CGAACATTAA ATTTAGGCAC TGTGAAAGCG CAGTGTCTTT	4140
	TTTGTGTCGA AATTGTGTAC AGAATAAGTA GTTAAATAAA GATTAAGTTG AGATAAAGTG	4200
	TTATTCGTAA ATAAAAGAGA GTAGATCGAT AGGAATTGAA TGATATTAGT TAACTATTTA	4260
50	TTAAATTACT TAATAATGAT TAATTTTTAG TTAAAGTAAG TTTAATGTGA AGCAGACCA	4320
	TTGCTCATT TAATGA	4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

(A) LENGTH: 487 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10	TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGGCA ATTTTCAGGTT TAATTTCAAA	60
	GCCACGTTCT CTAAACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCAGC	120
	ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT	180
15	AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGaAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT	240
	AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTTAA TAATTCCGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC	300
	TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAAACGG TATGCTTTGG CTCCTGAATT	360
20	ACCTCGAAGT TGTTCaAATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGkCTGG	420
	aTTCTTATGT CCGAAAATAT ATGTTTTAGC CAnTGTCAAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA	480
25	TTCTTTA	487

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 871 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

	TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTTCAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA	60
	TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG	120
40	CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT	180
	TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTTAGTATTT AACTTAAAAG	240
45	AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT	300
	TGAACTTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTTACAA ATTAAGGAGG	360
	GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC	420
50	TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA	480
	AaTATGTCGC AAATTTATTC TTTGAAAATT CTACTCGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG	540
55	CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA	600

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAC ATCCCAATTG 720
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTTGTGGA GAcATTaAAA 840
 ATTCACGTGT CGCACTAGTA ATTACCAaAG T 871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTC ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTTCa 180
 25 CCATTGGTTG CATTTCTTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTGTTTGG TTTTCAAAAT 240
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTTGTtAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300
 CTAAAGCCTG TTGTcTATTA TTAGGTGTCA TTTCTtGTCC TTGTTCCTCA aAAwAGCTTT 360
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1523 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTT ATAAAATACT TCCTCCATTC AACTATATCT 60
 45 ATATTTAATT ATTTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTTAAAATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180
 TGTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240
 50 AAACATTTTCG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300
 TAAGTTATCA CTTAAAAATC GTTTGGCaAA TTCGTTGTGA CGCTTGTTCA TCTTCTAATG 360

TTTGTTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540
 5 AGAAAATTTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600
 CTAACGCATC GCTGATTAAG TATAAATCCG AAATGCTCTC ATAAtCTGAA ACGTCTTTCA 660
 10 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAKAAAATAA 720
 CATATTCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTTT 840
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAAT ATATTCAGTA TCATTGCGTT 900
 TATGTGATAA TTTATCATTT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTCGAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020
 20 GTTGGCTTTC TTTTTTAAAG CCATCTTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTTCT AGCATTTTAA 1080
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140
 TCGTTCGCGG TGATTTATAT AACCAATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CwCGCTTTTCG 1200
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTTCATTG AAAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260
 GTTGAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320
 30 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTCGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380
 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTTGGCAATT TTGATAGTAA TTTAAAAGTC GTATATATAC 1440
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4923 base pairs
 40 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAAATAAT CTTACTGCTT TTTTAAATTT AATTTCGAGA 60
 50 TTCAATATTA GTTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTTGTTTTAA TGTATATAAT 120
 CAAAGTcttC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240

55

	ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT	360
	TATAACGTGC TTTTITAGAA AGGCTAGCTA AAATTTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT	420
5	CTAAATCTAA TTTGATTTGT AATAGGAAAT TGTATTAAAG TAAATATAAG TCGTTTTGAT	480
	AACGCGACAA TTTGTTTAAT ACTTCATAAG CTTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA	540
	AAAGTATTTT CTTTCTATTC TGTGGTGAA TATGTTTTTT TGTAATAGGA CGTTCTTCGC	600
10	TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGAATATCTT	660
	GTTTAATATT ATTAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT	720
	CTGAGGATAT ATTTAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTTC AAATTTAGGT GGTAGAAACA	780
15	CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAAGG	840
	CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA	900
20	AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTTAA ATAAAAAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA	960
	CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TTGTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC	1020
	CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTTAAA TGAACGATAA ATACTAGGTT	1080
25	GCATTGCACa ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA	1140
	AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TTAAAAATCC GAGCTCCTAG	1200
	TCTCAAAAAT AATGACGCCC CTTTTAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCG TATTCATTAC	1260
30	TGTTATACAC TTAGTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTTAT AGTTGTTAAA ATAAATCATA	1320
	CATAATACTG ATAGCGATGT AAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA	1380
	ATAAAACTC ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAAAAGAA	1440
35	TCTACTATGT GAGCATTTC TTTATTTTAA TTCAATTAAA AATATACTTC CTAAAAAGTT	1500
	ATTTCAATTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTTAAAGT TTGTTTAATA TCTTCTCTG	1560
40	TATGTTCACT TGTTAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT	1620
	TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTCCGCCGC AGAATGTTCA ACTTGATCAT	1680
	AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG	1740
45	TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAATT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTTGGCCTA	1800
	AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG	1860
	CTTTCATAGA TAACGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG	1920
50	CTACTTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA	1980
	CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT	2040
55		

AAATTTTCATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA 2160
 CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT 2220
 5 AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGACTTCACG TGCGACGCTT TCTGGAACAC 2280
 CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT 2340
 10 CAGAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC 2400
 GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT 2460
 CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTTT TGCTGAATTC AATTTCTAAT TCAGTCGGTG 2520
 15 TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTTGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG 2580
 CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAAATTTA TTGCCATCGA 2640
 CATCATATAA ATATGCACCG TGTCCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG 2700
 20 CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTCGTTT GAAAGTTGTT 2760
 GTAAACGTTT ACTTTCACTA AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTAAATTT AATATTTTCA 2820
 TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA 2880
 25 GGAGAACAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT 2940
 ACATTAATAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT 3000
 ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA 3060
 30 GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA 3120
 TTGAATTTTCG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTAAATTTAG CTAAAGAAAT GCGGTATATC 3180
 35 AGTTAAAAAA ATCATTGTCG AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG 3240
 ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTAA GGTAAAAACA CAAATAGAAG 3300
 AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA 3360
 40 AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTTAGAT TTTAAATTTT ATAAAAAGC 3420
 ATCAGAAATA CCTGAGAGCG ACTTGGCTGA TTTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG 3480
 TATCAATGAG GCATTTTAC GACGTTGCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGTTTGCAAC 3540
 45 GGGTGTAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG 3600
 AAAAGGTGTT CAAGCTAAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATTT TAGATGATTA 3660
 50 TAAAAAGATG AACTATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAATAAC 3720
 TGGTAAACGC CTATCAGGAC AAACAGTTTT ATTTTATAGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG 3780
 AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTAAATAT GAATTTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA 3840

55

TGCTGACATT ATTATAAATG CTTTACCAGA AACGCAAGAA ACGATTCaTT TaCTAAAGAA 3960
 AAAACATTTT GAATTAATGA AAGATGAAGC ACTTTTTATA AATATAGGAC GAGGTAGCAT 4020
 5 AGTTAAAGAA GCGCTCTTAA TAGAAGTATT AAAAAGTAAA GTTATTGAC ATGCATATTT 4080
 AGATGTGTTT GAAAATGAAC CTTTGAAACC TAATCATGAA TTATATGAAT TGGATAATGT 4140
 AACTATAACA GCGCATATAA CTGGTAATGA TTATGAAGCA AAGTATGACT TATTAGATAT 4200
 10 TTTTAAAAAC AATCTAGTTA ATTTTCTCAA TAAGAATGGT CTAATTGAGA ATGAAGTTGa 4260
 TGCTAAAAAA GGCTATTAAA TGAraTCATC ATGTAAATAT TGACACGCGC GCAATACTAC 4320
 15 AGTTATATTT aTAGTAaGtT AATaATgATT ATATAAGAAa GATGGTgATA TAGATGAGTG 4380
 TTGAAATAGA ATCAATTGAA CATGAAGTAG AAGAATCAAT TGCATCATTG CGACAAGcAG 4440
 GCGTAAGAAT TACACCTCAA AGACAAGCAA TATTACGTTa TTTaATTTCT TCACATACTs 4500
 20 ATCCAACaSc TGaTGaAATT TATCAAGCAC TTTCACCTGa TTTTCCAAAT ATAAGTGTTG 4560
 CGACAATATA TAATAACTTA AGAGTGTTTA AAGATATTGG AATTGTAAAA GAATTAACAT 4620
 ATGGAGACTC ATCAAGTCGA TTCGACTTTa ATACACATAA TCATTATCAT ATTATATGTG 4680
 25 AACAAATGTGG TAAGATTGTT GATTTTCAAT ATCCACAGTT AAATGAAATT GAAAGATTAG 4740
 CTCAGCATAT GACTGACTTT GACGTAACAC ATCATCGAAT GGAAATTTAT GGAGTTTGTA 4800
 AAGAATGCCA AGATAAATAA TTAACTTTG GTAGTATGAC AAATTAAAAA AGCGTTACTw 4860
 30 ACTTCATATA AGTAAGCGTA ATATTTAAGA nGTTAAACGA CATGaAAGTt GTTTAACTTT 4920
 TTT 4923

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 917 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45 TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTTGGGCCTT TGGCATTAAAT ATTAACCTCC 60
 TGGTTCGGAT TAATTGGGAA CCTAACnTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA 120
 ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTTGATAC CyTGcTCATT TAATTCTAAA ATGgTyrGAA 180
 50 CGCATTTTGG TACCCAAAAt GgTGACGTTC GTTGCACGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT 240
 GTCGATTGGT TTCATTAATT GAaCACCATT TTGCTCTTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT 300

55

GCGATCCATT GTTTGTTGGA AAAGAATAGC ACCCAAAATT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420
 TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAAGTTGG AACATTTTCGT CTTCAATTGCT 480
 5 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCTTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540
 GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTCCATT TTTCATTTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600
 ACTTTCCACT CCTTAACTTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAAATGAG AACATTTCTC 660
 10 AAGTCATAAA CCTTGAAAAG TGTATAAAAT GTGAAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAAAAA 720
 TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780
 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAATACT 840
 15 AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900
 CTTTTAGAAG TATGAAA 917

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 432 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTTATAAT TTGTAATTCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60
 TITCAAAATC TCTTTTTTTA TGATTAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTTATGT 120
 35 AATGTATTAA ATATTTCCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAAGAAA GAACTCCATA 180
 TATACTCAAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240
 AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTTC TTTCACTTT AGAAAACTTT TAATACTATA 300
 40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGaA CTCAATGCgT 360
 ATATTACAAAT ACCTTTTTtCG CATATTCATA TAAGacTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420
 ATCTCTTTCT CT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1374 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

TTTTGCTTTA TGTTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG 60
 TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCCAATTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCCT 120
 5 ACTTCTACAT TATTAAAAATC ACTACCAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA 180
 TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATTGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA 240
 TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTTCGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA 300
 10 ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTTCTCCA AGTATTTTGA TTGATAATAT 360
 CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACCTACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA 420
 TAGCATCAAT CATCGGTTTCG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA 480
 15 TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC 540
 TTTCTGTGGA AGTTCGAATA AGGACACCAG GGAACITCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA 600
 20 ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA 660
 AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACCTAATG GATCAAATTC AAATTTACTT TCTTCAATTT 720
 TCTTCCAAT TCTTGATGTC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACTTT TTGGCAATAT 780
 25 CATTTATCGC ATTCATTAAT GATTTAAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT 840
 GCGCAGaTAC TAAATGTAT TGTTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTAAA ACGTCACTGT 900
 GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTTCTGTCAT CGGTGATCCT GTyACAAAGA 960
 30 TATTCGCTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA 1020
 GATTCACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT 1080
 35 CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTTAATCGT TTAGCAGATA 1140
 CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTAAAAG TGCATCTGGT TGTTGCGGTA 1200
 ATAAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCCatCGT TTCTCCAnGt TACTTCCAAC 1260
 40 TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA 1320
 TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTAnAAATAT TGAT 1374

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1472 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

55

TTACCTCTAG GCATGTCCCT TTCACGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTTAAA 120
 TTGTCCTTTT TGAAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGaTTT CaTCaGTTTG 180
 5 TAAtAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTGaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT 240
 AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAAGCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTCGCCTTC 300
 AACAAATTGCT TGTTGGACAC GTTTAATATT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA 360
 10 TGAAAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTC 420
 CGCTTTTTTCA AAActATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA 480
 CATAGCATGA TTAAAATACT TTGCCGCTTC GTAACCTAAA TATAACGAGA CATATCTACC 540
 15 TTGTCGtKgt GCGCTTGTGC AAAGTGTATC ACTTCTCCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA 600
 ACATACTTCT TTATAAATCC CTTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTC ATTTTCAGTT 660
 20 AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA 720
 TTCAACTTGT CGATAACCGT ATTCACtCAA AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAAA 780
 AACCgGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT 840
 25 CTTTAAGCAA TTTGGAAAAG TCGCTCCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT 900
 GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG 960
 TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG 1020
 30 AAATCCTAAA CATAACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA AACTTCATT 1080
 CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTGGCTT 1140
 CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT 1200
 35 CGTTTgAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC 1260
 TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA 1320
 40 GCTAAACTT TAAAGCATT GTCATTATCC TGACCTTGAT TTAACTAAT ATATGGTATA 1380
 TTCTATTCAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCTTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA 1440
 CTAGGCCATT GAAATTTCAA ACATTCGTTG GG 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1054 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAAC AGAACAAATT 60
 ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAAGACAA GGGCAACTGA 120
 5 GGCGAAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT 180
 CTC AATTGAA GAAAAAGCAC AACAATTTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC 240
 TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC 300
 10 AAAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC 360
 TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT 420
 TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTTAATCG TGGTGAAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAAA 480
 15 GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCAATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA 540
 TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT 600
 20 CCCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT 660
 AGATGTTTTT AGTGAAAAC TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA 720
 AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT 780
 25 CGGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC 840
 AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG 900
 CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA 960
 30 GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA 1020
 AATTGCTAGA GATGAATTTC CTGATTTTCA AGTG 1054

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1057 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

45 AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG 60
 AAATTTCTAA AAAAAGCTGA GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAAATTAAGA CAGGGCAAAC 120
 GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG 180
 50 TTTTGTAATT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA 240
 TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAAT AAAAAAATAG TAGATTCCAA 300

55

AAGGGAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAATGGAT CGTCTTGAAA 420
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCA TTTTTTCAAT GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTCATTAAA 480
 5 TTGTTATAGC TTTTATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540
 GAAATAAAAA AGCTCAAATG TACCAAATTG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600
 10 ATTGAATGCA CATTGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660
 ATAATACTTG CTTCAACCACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTTCAAAGT GAATTATTCTG 720
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780
 15 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TGCATCATGA GCGCCTTGAA CATTATTTGA 840
 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900
 ATTCAATTTT TATAAAAAAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAA TTGGAAAGAA 960
 20 GATGaACAGG tTATAATATA TGraTATATa CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3754 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

35 CTGTGCTGTA TTTACTTTAA TTTGACGACA TTTGAGAAGT ATTATGATGG nTGAGTTAT 60
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180
 40 GATGATTAAG ATTTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTTGTGTT TAAAATTGAG 240
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300
 GTTGTTATAA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360
 45 ATTATTGTAA AACAAATAGTT TTAATTTnAT TTTCTGATaT ATCATATGTt ATTcTACCTG 420
 TATCAATTTT TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480
 CTTTTCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTTG CCTATGTATG 540
 50 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACCAGTTT 600
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTCGTTT CAATATATTT ACCATTCACA TAAGATTTAC 660

55

	AAACTGGAAT ATCAATAAAT TCTTTTITAG TCATCTTTTC ACTTTCATTA GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT TGGTAATAAA GATGAATTAT TTTTCTTATT ATTATATTCA TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG CTTTGTCTTA ACATTATTCA ATTTTCATCGT CATTTTACCA TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT TTCTTTITTA GCTTTTITGA GAAAGGATGC TATTTTGTAA TTATTTTAAT	960
	AATCTAATAC TTTTATCTC AGTTTCATCA AACGAATAAA CAGCAAAATC AGTCTGTATA	1020
10	TCTACAACAA GATTTCCTGT TTCGCTCTCG AATTTCATTTT CATAGTCAGT TACAAACCCT	1080
	TCGTATTCTT CATTATTCAA AAGCGTGATA ATAACATCTT TACGATATGC ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT TTCACCTACT TATCAATATA AGGTACTATA TGaGcACCTG GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT cCCTTCTGG TTTCAATATA CACATTTTCG ATATGTATTT TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA TTAATAATCT CTTTCAAATC AAATCGCTCA TCACTTAATA TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT TTTTCTCTTA ACAATTCATT CAATAAATCT ATAGAAAGTA TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTTT TTATTATTTA AAATGGCTCT TTTTTATTTT TCATTATATA GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT CTATTTTATT TTCCGCAATT TATTTCTATT TTTATTTTAC CATTTTTAAT	1500
25	CATTTCTTTC ATCTGGTTTT TAGCTTTTtC CTGtAATTAT GCTTCTTTTA CTTCTACTTG	1560
	ATATTTACct TCACGCTCTT TAAAGAACTT GTCCCCCAA TTGCCAACAT GTGGCACTGT	1620
30	GGTACTTCTA CACCAAGGAT GCATAGGTGG CGCATTCA CA CCTGGTATCA TATCTTTAAC	1680
	TTTAAATATT TTTCCGTAA GTGAATGACA TAATTTAGAT GTTTTACTAT CTATTTTGGC	1740
	AACATATTTA TATTCGCCAT CTTCACCAAG TTCTTTTAAA TATGTTAACT TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA GTAAATAGTT AAAAAAGCGT ATAAAAATAG CACCACTTTC TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG ATGCTATTTA TCTTTTGAAT TTGAATTCTT TTTTCGTTTT TCTATACTTT	1920
	CAAATCTTTC AACTAATTCT TAAAAGATT CACTCAATTC TTTTGCAGTT ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA ATCTAACATA ATTAAATCA TCTCACTTTA TATTTAATCa TATTTATACT	2040
	ATAAAGTTTT TTCAATAATT TTTCAATATG GCTATCATTA ATGATATTAA TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA CAAAATTTAC TCACTATTTT ACCATGAAAC CTATTTGACT TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT CCCTTATTAG TAACGATTGT CATTGATTTT ATTGATGGAT GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA TCATATTCTG AAAATCCTGA CTGTCCAGGA TGGTTATGTA ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT TTA CTGTTAA ATAATAATTC GGTTGCTTGT TACCCTGGCA CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA TTGACATATA CTTTGTGAAA TTTACCATCT TTTAACAAAT AAGCTACTTC	2400
	ATTGCTATCA TTGTTTCCA TGAGATATAC CTCCGTTTAT AGtCTGTCCA CTGATATTCC	2460

55

GAAGGTAAAT ATTTTAAAG TAACTTTCT TTATCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580
 AAATAGCCCT TTACTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640
 5 TCTTGTAATT tTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCAITGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700
 CATTGAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATTATTA GGAAAATATT TATATGTAAC 2760
 ACTTTTATCA TTAATTTCTT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTCCACC TCTAATTAAT 2820
 10 TAAATACTA TAATTATATT TTATTTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAAT 2880
 ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940
 15 TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAAACGTTG CCAACTTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000
 AAATTGTTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060
 TTGAATTAAA TTTTATTTA TATTAgTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120
 20 ATCTCGATTT CTAAGTGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCCCTT TGATACCGTA 3180
 TTCATCACTT TTATTATTAA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240
 ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTTGTCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300
 25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360
 TATTTTCCG TTGAGTGAAT GACATAATTT AGATGTTTTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420
 TTTATATTCT CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TTAAATATGT TAACTTTGT GACTCtTCyT 3480
 30 TTTCAACGAA TAATGAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540
 AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTCtTGC TTCTCGATAA 3600
 AGTCTCTTAC TACAGAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660
 35 TTTAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720
 TACCGTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTC 3754
 40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 815 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

50 ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60
 AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTAATTTTCA 120

55

CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAACAA ACAAACCATA 240
 CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG 300
 5 GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTGG TTGCAACTAC 360
 AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA 420
 10 TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT 480
 TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA 540
 ATAAAGCGAT TGTCATTGTG TTACATGATA TTAACCTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA 600
 15 TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA 660
 GTAGTGTTTT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA 720
 GGATTTGTTT ATATTTTAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTTAAAGGGG TGATGCGCCA 780
 20 ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT 815

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 919 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

GAAACGAATA ATAAATTTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT 60
 35 CTCGATAmGT TGATTAATAT TTTAAAATAA GCGATACACA CTACTAAAAT TGTATTATTA 120
 TTATGTtnAA TTGACnCCTC CTAAATTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGTTTATT 180
 TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG 240
 40 CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACCAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT 300
 AAATAGTATT ATTCACTAGT TTTAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT 360
 TATTTTTATC CCATAGTGTG ATAATTACTA TTTTTCATTG ATAATAAAGG TTTAAAGCAT 420
 45 GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA 480
 GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA 540
 50 GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA 600
 CTTTTAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAT 660
 GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT 720

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840
 GCAGAAGTTA TTTTAACGGA CACCTTTGCG TTAAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTGGCC 900
 5 AAATTGGAT TTCATAAGG 919

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 518 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTAAA 60
 20 CCCGTATTGT TTTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC 120
 AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATT ACATATGACC ATAAAAATTT 180
 ACTAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCCT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240
 25 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGGAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG 300
 AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360
 TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGaTTCTA ATGCTAAAAG 420
 30 TTTAAACAAT GCCTTGcAT CATAGAGCGG TTGTCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA 480
 AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCAAT 518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60
 45 TGCaGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120
 AAACAAATTA IGATGTTGTA TTTACTAGTG GTGCAcTGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180
 50 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240
 TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATTT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300